

HÄMOGENETISCHE UND POPULATIONSGENETISCHE UNTERSUCHUNGEN IN DEN VISPERTÄLERN (KT. WALLIS, SCHWEIZ)

Inaugural-Dissertation

zur Erlangung der philosophischen Doktorwürde
vorgelegt der
Philosophischen Fakultät II

der
Universität Zürich

von
ELISABETTA ESTHER ZIGGIOTTI
von Vezia (TI)

Begutachtet von den Herren
Prof. Dr.med. J. Biegert
Dr. phil. W. Scheffrahn

Zürich 1981 
Zentralstelle der Studentenschaft

HÄMOGENETISCHE UND POPULATIONSGENETISCHE UNTERSUCHUNGEN IN DEN VISPERTÄLERN (KT. WALLIS, SCHWEIZ)

Inaugural-Dissertation

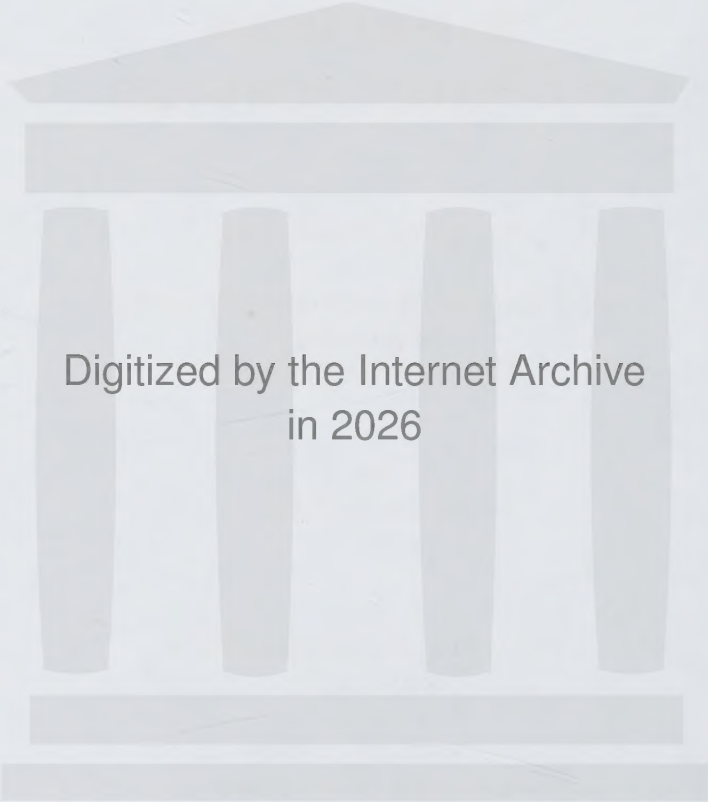
zur Erlangung der philosophischen Doktorwürde
vorgelegt der
Philosophischen Fakultät II

der
Universität Zürich

von
ELISABETTA ESTHER ZIGGIOTTI
von Vezia (TI)

Begutachtet von den Herren
Prof. Dr.med. J. Biegert
Dr. phil. W. Scheffrahn

Zürich 1985
Zentralstelle der Studentenschaft



Digitized by the Internet Archive
in 2026

INHALT

I. Einleitung	2
II. Aufgaben und Ziele	4
III. Material und Methoden	6
1. Material	6
1.1. Das Untersuchungsgebiet	6
1.1.1. Visptal	9
1.1.2. Mattertal	9
1.1.3. Saastal	10
1.2. Individuenzahl.	11
2. Methoden	11
2.1. Behandlung der Blutproben	11
2.2. Hämogenetische Untersuchung	13
2.2.1. Serumproteine	15
2.2.2. Enzyme	16
2.3. Genealogische Untersuchungen	19
2.4. Statistische Auswertung	20
IV. Befunde	21
1. Serumproteine	21
1.1. Properdinfaktor B (BF)	21
1.2. Komplementfaktor 3 (C3)	23
1.3. Gruppenspezifische Komponente (GC)	25
1.4. Haptoglobin (HP)	27
2. Intrazelluläre Isoenzym polymorphismen	29
2.1. Saure Erythrozyten-Phosphatase (ACP -E.C.3.1.3.2)	29

2.2. Adenosindesaminase (ADA -E.C.3.5.4.4)	31
2.3. Adenylatkinase (AK -E.C.2.7.4.3)	33
2.4. Amylase-2 (AMY-2 E.C.3.2.1.1)	35
2.5. Esterase D (ESD -E.C.3.1.1.1)	37
2.6. Galaktose-1-P-Uridyltransferase (GALT -E.C.2.7.7.12) . . .	39
2.7. Glyoxalase-1 (GLO-1 -E.C.4.4.1.5)	41
2.8. 6-Phosphogluconat-Dehydrogenase (6-PGD -E.C.1.1.1.44)	43
2.9. Phosphoglucomutase-1 (PGM-1 -E.C.2.7.5.1)	46
3. Tabellarischer Ueberblick	48
3.1. Allelfrequenzen	48
3.2. Hardy-Weinberg-Gleichgewicht	48
4. Bevoelkerungsvergleich der Befunde	50
4.1. Intraregionaler Vergleich der Allelfrequenzen	50
4.2. Interregionaler Vergleich der Allelfrequenzen.	52
4.3. Zusammenfassung	58
V. Diskussion	59
1. Intraregionaler Bevoelkerungsvergleich	59
1.1. Berechnung der genetischen Distanzen	59
1.2. Historisch-demographische Interpretation der Befunde	63
1.3. Verteilung der Allelfrequenzen: Familiäre Aufklärung	71
2. Interregionaler Vergleich	81
2.1. Berechnung der genetischen Distanz	81
2.2. Berechnung der Heterozygotierate	86
2.3. Die Sonderstellung von St. Niklaus, Zermatt und Saas Fee	88

VI. Zusammenfassung.	96
VII. Schlusswort.	99
VIII. Dank.	103
IX. Literatur.	106
X. Anhang.	115
A. Ueberprüfung des Hardy-Weinberg-Gleichgewichtes.	115
B. Zusammenfassung der χ^2 -Test.	217
C. Verteilung der Allelfrequenzen im Untersuchungsgebiet.	221
D. Statistische Daten zur Bevölkerung und Erwerbstätigkeit.	232

I. EINLEITUNG

Das primäre Anliegen der Anthropologie ist die Darstellung der Evolutionsbiologie menschlicher Bevölkerungen, also die Erkennung und Verwertung der "genetischen Verschiedenheit der biologischen Art *Homo sapiens* in Zeit und Raum" (RITTER, 1973). Die Menschheit besteht nämlich aus einem vielfältigen Mosaik von Populationen, die viele genetische Ähnlichkeiten, aber auch Unterschiede in ihrem Erbanlagenbestand zeigen.

Wie konnte diese Variabilität zustandekommen? Die Schaffung neuer genetischer Grundeinheiten als "Rohmaterial der Evolution" (WILSON & BOSSERT, 1973) entsteht aus Gen- und Chromosomenmutationen (Evolution auf der Ebene des Individuums); die Veränderungen der Genhäufigkeiten (Evolution auf der Ebene der Population) sind durch eine Reihe anderer Faktoren erzeugt: Migration, Gründereffekt, Gendrift und Isolation können vor allem die durch Mutationen entstandene Variabilität in unterschiedlichem Ausmass beeinflussen und damit zur Populationsdifferenzierung beitragen. Es versteht sich von selbst, dass die genetische Analyse beim Menschen allein zur Aufklärung des Ablaufes der Populationsdifferenzierung nicht genügen kann: Die gefassten Hypothesen müssen durch geographische, historische, sowie demographische Hinweise direkt vertreten werden können.

Bevölkerungsbiologische Untersuchungen in der Schweiz sind schon seit Anfang des Jahrhunderts durchgeführt worden und zwar bei der ganzen Bevölkerung (u.a. SCHWERZ, 1915; SCHLAGINHAUFEN, 1946; ROSIN, 1956; HANHART, 1961; GLOOR, 1976; NEURY, 1976) sowie bei Bevölkerungsgrup-

pen (u.a. HAEGLER, 1953/54; MOESCHLER, 1971; SCHLEGEL & WEILENMANN-GRIESHABER, 1976).

Bevölkerungen aus dem Wallis erweisen sich als vorteilhaft für solche populationsgenetischen Untersuchungen: Das Rhonetal und die vielen Seitentäler, die sich nach Norden und Süden in die Gebirgsketten der Walliser und Berner Alpen einfurchen, stellen ideale geographische Voraussetzungen dar, die die Einwirkung von evolutionsbeeinflussenden Faktoren begünstigen konnten. Die zur Verfügung stehenden, weit zurückgehenden historischen Dokumente (bestehend aus Kirchenregistern und Zivilregistern vom 17. Jahrhundert an) ermöglichen die Rekonstruktion der Bevölkerungsdynamik in der Vergangenheit und damit die genealogische Interpretation der hämogenetischen Daten. Historisch dokumentierte Aus- und Binnenwanderungen der Bevölkerungen aus dem Wallis (es seien als Beispiel Migrationen der *Walser* erwähnt) weisen auf weitere attraktive Forschungsrichtungen hin. Walliser Bevölkerungsgruppen sind schon von zahlreichen Autoren unter verschiedenen Fragestellungen betrachtet worden: es seien hier u. a. die Arbeiten von BEDOT (1898), SAUTER (1950), GLOOR (1959/60; 60/61; 61/62; 62/63) und FRIEDL (1974) erwähnt.

Das Projekt "Hämogenetische und Populationsgenetische Untersuchungen an Bevölkerungen des Wallis und der Walser Graubündens" am Anthropologischen Institut der Universität Zürich, wird mit den genannten und weiteren Arbeiten zur Aufklärung der Entstehungsgeschichte der genetischen Struktur der schweizerischen Bevölkerung beitragen.

II. AUFGABEN UND ZIELE

Die Aufgaben und Ziele dieser Arbeit werden wie folgt beschrieben:

a) Populationsgenetischer Teil

Aufgabe:

Berechnung der Allelfrequenzen bei 4 Serumproteinsystemen und 9 Enzym-polymorphismen zur Darstellung des Genpools des Untersuchungsgebietes (Vispatal, Mattertal, Saastal; $n = 883$ Personen).

Ziele:

1. Zuordnung der Vispertäler innerhalb der genetischen Struktur des Kantons Wallis (intraregionaler und interregionaler Vergleich).
2. Forschung nach genetischen Divergenzen bzw. Konvergenzen zwischen den und innerhalb der Täler (n).
3. Erkennung der Einwirkung von Evolutionsfaktoren auf die genetische Struktur menschlicher Bevölkerungen, am Beispiel der *Migration*.
4. Gewinnung von zusätzlichen Vergleichsdaten im Rahmen des Projektes "Hämogenetische und Populationsgenetische Untersuchungen an Bevölkerungen des Wallis und der Walser Graubündens" an der anthropologisch-genetischen Forschungsstelle des Anthropologischen Institutes der Universität Zürich.

b) Genealogische Demographie

Aufgabe:

Aufstellung von Stammbäumen zur genealogischen Interpretation der Resultate.

Ziel:

5. Rekonstruktion der Entwicklung und Dynamik der früheren Generationen, die zur Entstehung der heutigen Zusammensetzung der Population beigetragen haben.

III. MATERIAL UND METHODEN

1. MATERIAL

1.1. Das Untersuchungsgebiet

Das Untersuchungsgut stammt aus Seitentälern ("Vispertäler") der Rhone, Kanton Wallis (siehe Abb. 1 und Abb. 2). Die 15 betrachteten Gemeinden werden hier in 3 Regionen eingeteilt: Visptal, Mattertal und Saasertal (siehe Tab. 1).

Mehrere Autoren haben sich unter verschiedenen Gesichtspunkten mit den Vispertälern befasst: Die Arbeiten von PITTARD & REVERDIN (1921/22), LE COMTE (1926), KREIS (1966), HUSSELS (1969), IMSENG (1973), ARNOLD (1979), LANDTWING (1979) und anderen bieten uns ein weites Informationsspektrum, das sich von der Geographie zur Volkskunde, von der Anthropometrie zur Geschichte, von der Sozialgeographie zur Demographie ausdehnt.

Es ist mir nicht möglich, mich an dieser Stelle über diese an sich reizvollen Themen zu verbreiten: Ich beschränke mich in den nächsten Abschnitten auf einige Erläuterungen allgemeinen Charakters über das Untersuchungsgebiet.

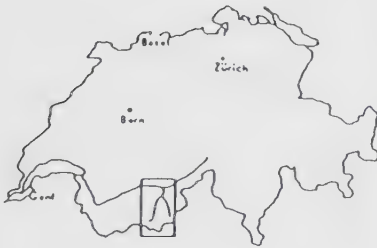


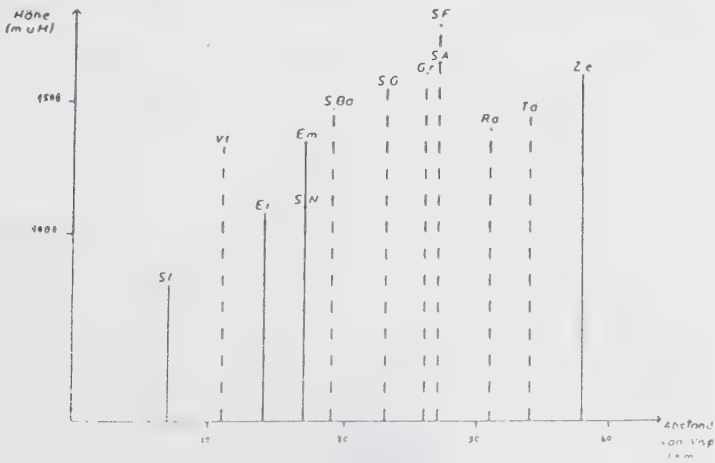
Abb.1: Das Untersuchungsgebiet.

(Skala 1: 300'000)



Abb.2: Höhenprofil.

— am rechten Ufer der Vispa, - - - am linken Ufer der Vispa.



Tal	Dorf	Einwohner	Total
Visptal	Visp	6383	
	Visperterminen	1373	
	Stalden	1104	
	Staldenried	521	
			9381
Mattertal	Embd	351	
	Grächen	1128	
	Randa	367	
	St. Niklaus	2036	
	Täsch	594	
	Zermatt	3548	
			7024
Saastal	Eisten	267	
	Saas Balen	443	
	Saas Grund	880	
	Saas Fee	990	
	Saas Almagell	330	
			2910
Vispertäler			19315

Tab. 1: Einteilung des Untersuchungsgebietes und Anzahl der Einwohner (SJKV, 1982).

1.1.1. Visptal

Zum Visptal gehören *Visp*, *Visperterminen*, *Stalden* und *Staldenried* (von Norden nach Süden). Visp ist mit 6383 Einwohnern die grösste Gemeinde des Bezirkes. Das Dorf kennt seit der Hälfte des letzten Jahrhunderts einen konstanten Bevölkerungszuwachs. Als Ursache davon wird der Bau des LONZA-Werkes in den Jahren 1907-1909 gesehen: Der überwiegende Teil der 2279 Beschäftigten wohnt im Dreieck Brig-Gampel-Stalden mit dem Zentrum Visp (LANDTWING, 1979). 10 km von Visp entfernt, auf dem linken Talabhang liegend, finden wir Visperterminen, eine Gemeinde, die seit dem Bau der LONZA-Fabrik stark zugenommen hat: Ein Drittel der Männer vom Dorf ist beim Werk in Visp angestellt. Stalden und Staldenried vervollständigen die Gruppe der Visptal-Dörfer.

1.1.2. Mattertal

Das Mattertal, früher Nicolaital genannt, erstreckt sich von Stalden ca. 30 km südwärts bis Zermatt. Die 6 betrachteten Gemeinden des Tales (vom Norden nach Süden gezählt) *Embd*, *Grächen*, *St.Niklaus*, *Randa*, *Täsch* und *Zermatt* sind als Ferienorte bekannt und haben in der Hotellerie eine grundlegende Einnahmequelle gefunden. Das ganze Tal hat seinen Wohlstand einem Berg zu verdanken, nämlich dem weltbekannten Matterhorn. Dieser bezaubernde Berg hat schon unzählige Leute aus der ganzen Welt ins Mattertal gerufen und damit Zermatt in erster Linie aber indirekt allen Gemeinden des Tales eine einzigartige Möglichkeit geschaffen, die Lebensqualität der Einwohner bedeutend zu verbessern. Ein weiteres Dorf im Mattertal ist Objekt einer bevölkerungsbiologischen Studie im Rahmen des erwähnten Projektes

am Anthropologischen Institut der Universität Zürich, nämlich *Törbel* (BIEDERMANN, in Vorb.).

1.1.3. Saastal

Eine sehr gut ausgebaute, mit zahlreichen Galerien und kleineren Tunnels abgesicherte Alpenstrasse führt von Visp über Stalden hinauf nach *Saas Fee*, der wohl bekanntesten Gemeinde des Saastales, die heute zu den grössten und bekanntesten Wintersportorten der Schweiz gezählt werden darf. Auch in *Eisten*, *Saas Balen*, *Saas Grund*, *Saas Almagell* gehen die traditionellen Berufe (Bauer, Bergführer, Tuchgewerbe) immer mehr zu gunsten der Beschäftigung in der Touristik und im Hotelgewerbe zurück.

1.2. Individuenzahl.

Es wurden Blutproben von 883 Probanden untersucht (siehe Tab. 2). Die Blutproben wurden von anscheinend gesunden Individuen durch 2 Blutspendeaktionen des Schweizerischen Roten Kreuzes, Bern (April 1981 und April 1983), durch selbst organisierte Blutabnahmeaktionen in den betreffenden Dörfern (Juni 1982) sowie durch einzelne Sendungen aus den Kreisspitälern von Brig, Sion und Visp gesammelt.

2. METHODEN

2.1. Behandlung der Blutproben

Das Serum wurde jeweils sofort durch Zentrifugation abgetrennt und bei -20 bzw. -90 C° tief gefroren. Die aufgetauten Proben konnten direkt für die Elektrophorese verwendet werden. Die Zellen wurden folgendermassen behandelt:

- 1) Ein Teil wurde mit der entsprechenden Gefrierflüssigkeit im Verhältnis 1:2 gemischt und im flüssigen Stickstoff bei -190 C° aufbewahrt (ROWE et al., 1968);
- 2) zwei Teile wurden mit der nach unserer Laborvorschrift hergestellten Gefrierlösung im Verhältnis 1:2 gemischt und in der Tiefkühltruhe bei -20 C° aufbewahrt.
- 3) die zurückbleibenden Restzellen wurden 3 mal mit physiologischer

Dorf	♂	♀	Total
Visp	9	3	12
Visperterminen	76	64	140
Stalden	70	62	132
Staldenried	10	12	22
Visptal	165	141	306
Embd	13	30	43
Grächen	18	11	29
Randa	34	24	58
St. Niklaus	51	37	88
Täsch	15	12	27
Zermatt	38	37	75
Mattertal	169	151	320
Eisten	11	11	22
Saas Balen	21	17	38
Saas Grund	53	31	84
Saas Fee	50	49	99
Saas Almagell	6	8	13
Saastal	141	116	257
Vispertäler	475	408	883

Tab.2: Anzahl und Herkunft der Individuen.

Kochsalzlösung gewaschen, in der Tiefkühltruhe lysiert und mit CCl_4 behandelt, um sie vom Stroma zu befreien. Die stromafreien Hämolysate wurden bei -90°C aufbewahrt. Für den Nachweis der Enzyme GALT und GLO wurde dem Lysat eine 5% Mercaptoethanolösung ($30 \mu\text{l/ml}$ Hämolysat) zugegeben.

2.2. Hämo-genetische Untersuchung

Die hämo-genetische Untersuchung wurde nach den in der Literatur üblichen Methoden durchgeführt:

- Stärkegelelektrophorese (SGE)
- Agarosegelelektrophorese (AGE)
- vertikale Polyacrylamidgelelektrophorese (vert. PAGE)
- isoelektrische Fokussierung auf Polyacrylamidgelen (IEF)

Ausser den herkömmlichen Nachweismethoden (Overlay Technik) wurden die chemische Fixation und die Immunofixation angewendet (siehe Tab. 3).

Die in dieser Arbeit für die Bezeichnung der Serumproteine bzw. der Enzyme angewendeten Abkürzungen, die Schreibweise für die Genorte, die Allele und die Phänotypen orientieren sich an den Vorschlägen des 5. *International Workshop on Human Gene Mapping*, Edinburgh, 1979 (in SPIELMANN & KUEHNLE, 1982):

-Die Marker-Symbole werden gross geschrieben (z.B.: GC für Gc, ESD für EsD);

-die Genloci werden durch arabische Ziffern in Zeilenhöhe bezeichnet

System	Methode	
	Elektrophorese	Nachweis
Serumproteine:		
BF	AGE	Immunfixation
C3	AGE	Farbnachweis
GC	IEF	Immunfixation
HP	vert. PAGE	Peroxydasereaktion
Enzyme:		
ACP	AGE(SGE)	Overlay
ADA	AGE(SGE)	Overlay
AK	AGE(SGE)	Overlay
AMY-2	AGE	Overlay
ESD	AGE(SGE)	Overlay
GLO	AGE	Overlay
GALT	AGE	Overlay
6-PGD	AGE(SGE)	Overlay
PGM-1	IEF	Overlay

Tab. 3: Die untersuchten Systeme und die angewendeten Methoden.

(z.B.: PGM1);

-die Genbezeichnungen erfolgen durch die entsprechenden Zeichen mit einem vorangestellten Stern (*);

Allele bzw Phänotypenbezeichnungen werden immer kursiv gedruckt (z.B.: *6-PGD*A* bzw. *6-PGD A*)

2.2.1. Serumproteine

In die Untersuchung der Blutproben aus den Vispertälern wurden die folgenden 4 Serumproteine einbezogen: Properdin Faktor B, Komplementfaktor 3, Gruppenspezifische Komponente und Haptoglobin. Ueber Art und Funktion dieser Systeme sowie über die Nachweismethoden wird ausführlich von SPIELMANN & KUEHNLE (1982) berichtet.

2.2.1.1. Properdinfaktor B (BF)

Der Properdinfaktor B (auch C3-Proaktivator oder GBG, glycine-rich-beta-glycoprotein genannt) nimmt an dem alternativen Komplement-Aktivierungsmechanismus teil.

Der BF-Polymorphismus wurde erstmals 1972 von ALPER et al. beschrieben: es wurde ein Genlocus identifiziert, der zwei häufige Allele (F und S) und zwei etwas seltenere (F 1.0 und S 0.7) determiniert. Ueber weitere, sehr seltene Varianten wurde später von mehreren Autoren berichtet (u.a. MAUFF et al., 1978; GESERIK et al., 1983; WEIDINGER et al., 1984).

2.2.1.2. Komplementfaktor C3

Das C3 ist an dem Mechanismus der Komplementaktivierung beteiligt.

WIEME & DEMEULENAERE zeigten erstmals 1967 elektrophoretisch den

C3-Polymorphismus. Die heute noch verwendete Darstellungstechnik geht auf ALPER & PROPP (1968) und TEISBERG (1970) zurück. Die häufigsten Allele werden F und S genannt; es sind weitere, unterschiedlich seltene Varianten beschrieben worden (SPIELMANN & KUEHNL, 1982).

2.2.1.3. Gruppenspezifische Komponente (GC)

Bei der gruppenspezifischen Komponente (GC) handelt es sich um ein alpha-2-Globulin, welches Vitamin D₂ und Vitamin D₃ bindet und transportiert. Die elektrophoretische Darstellung des GC Polymorphismus gelang erstmals HIRSCHFELD (1960): Es wurden die Phänotypen GC 1, GC 2-1 und GC 2 beobachtet als Produkt zweier autosomal codominanter Allele. Die Verfeinerung der Nachweismethoden, insbesondere die Typisierung durch IEF mit anschliessender Immunfixation, brachten die Entdeckung einer Vielfalt von Allelen (SPIELMANN & KUEHNL, 1982; CONSTANS et al., 1983).

2.2.1.4. Haptoglobin (HP)

Das Haptoglobin gehört zu den alpha-2-Globulinen: Es hat die Fähigkeit, Hämoglobin zu binden.

Der HP-Polymorphismus wurde 1955 von SMITHIES mittels Stärkegelelektrophorese nachgewiesen: Die zwei häufigsten Allele wurden als HP*1 und HP*2 bezeichnet. Seltener Varianten konnten später entdeckt werden (RITTER et al., 1975). Zur Untersuchung des HP in unseren Stichproben wurde die PAGE mit anschliessender Peroxidasereaktion angewendet (Labor Anthrop. Inst., Univ. Zürich).

2.2.2. Enzyme

Die Untersuchung der Enzyme umfasst 8 Systeme, nämlich ACP (EC

3.1.3.2), ADA (EC 3.5.4.4.), AK (EC 2.7.4.3.), AMY-2 (EC 3.2.1.1), ESD (EC 3.1.1.1), GLO (EC 4.4.1.5.), GALT (EC 2.7.7.12), 6-PGD (EC 1.1.1.44) und PGM 1 (EC 2.7.5.1.).

Für die detailliertere Beschreibung der Enzyme und der Nachweismethoden verweise ich auf HARRIS & HOPKINSON (1976) und SPIELMANN & KUEHNLE (1982).

2.2.2.1. Saure Erythrozyten-Phosphatase (ACP-E.C.3.1.3.2)

Der ACP Polymorphismus wurde 1963 von HOPKINSON und seinen Mitarbeitern beschrieben. Es geht dabei um 3 codominante Allele auf einem autosomalen Genort, die mit Buchstaben (A, B, C) bezeichnet werden. Daneben sind selten auftretende Varianten nachgewiesen worden (SPIELMANN & KUEHNLE, 1982).

2.2.2.2. Adenosindesaminase (ADA-E.C.3.5.4.4)

Die ADA katalysiert die Desaminierung des Adenosins zu Inosin. Der Polymorphismus wurde 1968 von SPENCER et al. beschrieben. Es sind die zwei häufigen Allele ADA*1 und ADA*2 bekannt, sowie die Varianten ADA*3, ADA*4, ADA*5, ADA*6 und ADA*7, die weitaus kleinere Häufigkeiten zeigen (SPIELMANN & KUEHNLE, 1982).

2.2.2.3. Adenylatkinase (AK-E.C.2.7.4.3)

Die Adenylatkinase katalysiert die Reaktion $ATP + AMP \rightleftharpoons ADP + ADP$. Das AK-Isoenzymssystem wurde 1966 von FILDES & HARRIS beschrieben: Es konnten die drei Phänotypen AK 1, AK 2-1 und AK 2 als Produkte von zwei autosomal codominanten Allelen beschrieben werden. Später wurden weitere Allele nachgewiesen (AK*3, AK*4, AK*5, AK*0), die jedoch sehr selten auftreten (SPIELMANN & KUEHNLE, 1982).

2.2.2.4. Amylase-2 (AMY-2-E.C.3.2.1.1)

Bei den Amylasen handelt es sich um zwei Hydrolasen, die als "Speichelamylase" (AMY-1) bzw. "Serumamylase" (AMY-2, pankreatische Amylase) bezeichnet werden. Zwei eng benachbarte Genloci auf dem Chromosom 1 sind für die Produktion beider Enzyme verantwortlich. Bei dieser Untersuchung wurde die Amylase-2 typisiert, die im Serum nachgewiesen werden kann.

Der Amylase-2 Polymorphismus wurde erstmals 1965 von KAMARYT & LAXOVA postuliert, dann 1973 von MERRIT und seinen Mitarbeitern aufgrund populationsgenetischer Untersuchungen bestätigt. Es sind bei Weissen zwei häufige Allele *AMY-2*1* (ca. 0.95%) und *AMY-2*2* sowie zwei sehr seltene Allele *AMY-2*3* und *AMY-2*4* bekannt (KOEMPF et al., 1979).

2.2.2.5. Esterase D (ESD-E.C.3.1.1.1)

Die Esterase D gehört zu den Acetylesterasen (Hydrolasen). Der Polymorphismus wurde 1973 von HOPKINSON und seinen Mitarbeitern mittels Stärkegelelektrophorese identifiziert: Sie konnten die Phänotypen ESD 1, ESD 2-1 und ESD 2 als Produkte von zwei autosomal codominanten Allelen darstellen. Mit Hilfe neuer Methoden wurden seltene Varianten gefunden, darunter das 1979 von MARTIN mit Hilfe der IEF beschriebene ESD*5 Allel, das eine relativ hohe Frequenz (um 2%) zeigt.

2.2.2.6. Galaktose-1-P-Uridyltransferase (GALT-E.C.2.7.7.12)

Die GALT nimmt an der Umwandlung von Galaktose-1-Phosphat zu Glucose-1-Phosphat teil. Der Polymorphismus wurde erstmals 1966 von MATHAI & BEUTLER beschrieben: Die geläufige Bezeichnung der häufigsten Allele als *GALT*1* und *GALT*2* ist auf BISSBORT & KOEMPF (1972) zurückzuführen. Die Entwicklung neuerer Darstellungstechniken liess verschiedene seltene Varianten zum Vorschein kommen (WEIDINGER et al, 1981).

2.2.2.7. Glyoxylase-1 (GLO-E.C.4.4.1.5)

Ueber einen GLO Polymorphismus wurde erstmals 1975 von KOEMPF et al. berichtet. Die zwei häufigsten Allele GLO*1 und GLO*2 kommen in europäischen Stichproben mit einer Häufigkeit von 0.42-0.45 bzw. 0,58-0.55 vor (SPIELMANN & KUEHNLE, 1982).

2.2.2.8. 6-Phosphogluconat-Dehydrogenase (6-PGD-E.C.1.1.1.44)

Die 6-PGD katalysiert die Umwandlung von Gluconat-6-P zu Ribulose-5-P. Der Polymorphismus wurde 1963 von FILDES & PARR dargestellt. Neben den Allelen 6-PGD*A (Häufigkeit bei den europäischen Bevölkerungen um 90%) und 6-PGD*B, sind heute seltene Varianten bekannt (SPIELMANN & KUEHNLE, 1982).

2.2.2.9. Phosphoglucomutase-1 (PGM-1-E.C.2.7.5.1)

Die Phosphoglucomutase katalysiert die Umwandlung von Glucose-1-Phosphat zu Glucose-6-Phosphat. SPENCER und seine Mitarbeiter konnten 1964 erstmals den genetisch gesteuerten Polymorphismus nachweisen.

Es werden heute drei voneinander unabhängige Genloci unterschieden: PGM 1, PGM 2 und PGM 3. Wegen der einfachen Darstellungstechnik eignet sich die PGM 1 für populationsgenetische Untersuchungen besonders gut.: Mit der Einführung der IEF konnten 4 Hauptallele (PGM 1*1, PGM 1*2, PGM 1*3 und PGM 1*4) und einige seltenere Varianten nachgewiesen werden (CARTER et al., 1979; SPIELMANN & KUEHNLE, 1982).

2.3. Genealogische Untersuchungen

Ein Hauptziel dieser Arbeit ist die Verknüpfung der populationsgenetischen

Befunde mit den historisch-demographischen Daten. Die Familienrekonstruktion als "retrospektive Erschliessung einer bevölkerungs- bzw. gemeinschaftsbildenden biologischen Einheit (Grossfamilie, Familie, Zweig, Sippe) und ihrer Verbindungen" (NEMESKERI, 1974), bildet die Ausgangsbasis dafür.

Auch in dieser Hinsicht erweist sich der Kanton Wallis als ausgezeichnetes Untersuchungsgebiet: Es sind nämlich weit zurückgehende (bis ins 17. Jahrhundert) Dokumente vorhanden. Dieses Material liefert uns die notwendigen Daten, um eine Rekonstruktion der Populationszusammensetzung und deren Dynamik im Laufe der Zeit zu verfolgen (KRONIG, 1927; SCHNIDRIG, 1953; SUMMERMATTER, 1975; ZURBRIGGEN, 1952; ZURBRIGGEN, 1960). Das aus hämogenetischen Daten entstandene Genpool-Modell wurde mit demjenigen konfrontiert, das historisch-demographisch belegbar ist.

2.4. Statistische Auswertung

In die statistische Auswertung der Resultate wurde neben dem χ^2 -Test eine Cluster-Analyse einbezogen. Das verwendete Computerprogramm wurde von Herrn Dr. G. Bächli (Zoologisches Institut der Universität Zürich) entwickelt und trägt die Bezeichnung NT 8, Version März 1982. Die Analyse wurde von Herrn dipl. anthrop. Thomas Geissmann durchgeführt.

Die einfachen genetischen Distanzen zwischen den Populationen wurden nach einer Methode von PREVOSTI et al. (1975) berechnet. Zur Clusterung wurde die "unweighted pair-group"-Methode mit "average linkage" (UPGMA) (siehe z.B. SNEATH & SOKAL, 1973) verwendet.

IV. BEFUNDE

1. SERUMPROTEINE

1.1. Properdinfaktor B (BF)

Mit der Agarosegel-Elektrophorese liessen sich in der untersuchten Stichprobe 7 Bf Phänotypen unterscheiden, nämlich die Homozygoten $BF\ F$ und $BF\ S$, der Heterozygote $BF\ FS$ sowie die etwas selteneren heterozygoten Varianten $BF\ F1.0S$, $BF\ F1.0\ F$, $BF\ S0.7F$, $BF\ S0.7S$.

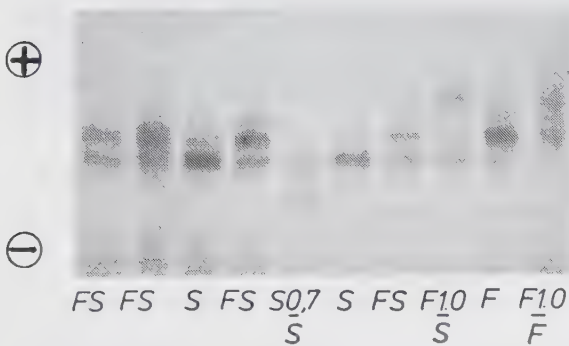


Abb. 3: BF Phänotypen in den Vispertälern.

In der schweizerischen Bevölkerung sind die BF Allele wie folgt verteilt (SCHERZ et al., 1977):

*BF*S* : 0.8050

*BF*F* : 0.1760

*BF*S0.7* : 0.0090

*BF*F1.0* : 0.0100

Die Berechnung der Allelhäufigkeiten im Untersuchungsgebiet ergab die folgenden Resultate:

Visptal		Mattertal		Saastal	
<i>BF*S</i>	:0.8273	<i>BF*S</i>	:0.8328	<i>BF*S</i>	:0.8424
<i>BF*F</i>	:0.1563	<i>BF*F</i>	:0.1531	<i>BF*F</i>	:0.1167
<i>BF*S0.7</i>	:0.0049	<i>BF*S0.7</i>	:0.0063	<i>BF*S0.7</i>	:0.0175
<i>BF*F1.0</i>	:0.0115	<i>BF*F1.0</i>	:0.0078	<i>BF*F1.0</i>	:0.0324

In den drei Regionen zeigen die Allele *BF*S* und *BF*F* erwartungsgemäss die höchste Häufigkeit: Die Werte sind gegenüber Vergleichsdaten aus einer gesamtschweizerischen Stichprobe bezüglich des *BF*S* Allels höher (bzw. niedriger bezüglich des *BF*F* Allels).

Die selteneren Allele *BF*S0.7* und *BF*F1.0* zeigen hohe Frequenzen im Saastal: sie kommen nämlich ca. 7 bzw 3 mal häufiger als im Visptal und 2 bzw. 3 mal häufiger als im Mattertal vor. Das könnte ein erster Hinweis auf das Vorkommen von lokalen Anhäufungen (vermutlich familiär bedingt) im Untersuchungsgebiet sein, das bei der Beurteilung der Resultate nicht übersehen werden darf.

1.2. Komplementfaktor 3 (C3)

Bei diesem System konnten wir neben den gewöhnlichen Phänotypen $C3 F$, $C3 FS$ und $C3 S$ vier weitere finden, die aus der Kombination der selteneren Allele $C3 F0.5$ und $C3 F1.2$ (schnelle Varianten) sowie $C3 S0.35$ und $C3 S0.5$ (langsame Varianten) entstehen.

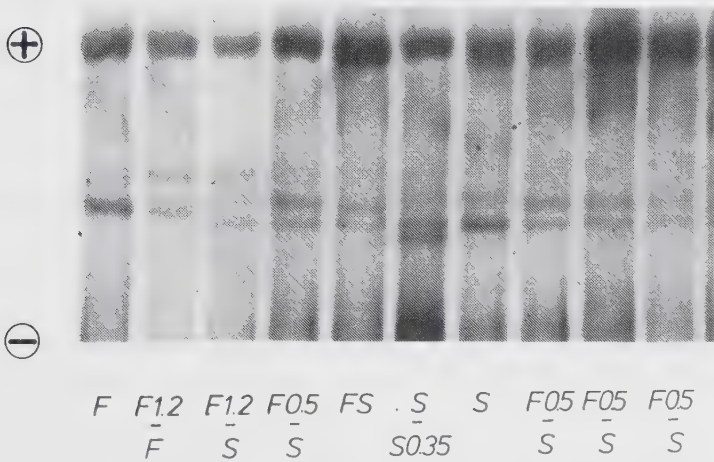


Abb.4: C3 Phänotypen (mit freundlicher Genehmigung von Herrn M. Gagliardi).

PFLUGSHAUPST et al. (1976) berichteten über die Verteilung der C3 Allele in der schweizerischen Bevölkerung:

C3*S : 0.7924

C3*F : 0.2028

C3*var.: 0.0047

Die Allelfrequenzen betragen in den Vispertälern:

Visptal	Mattertal	Saastal
C3*S: 0.8571	C3*S: 0.8553	C3*S: 0.8435
C3*F: 0.1346	C3*F: 0.1431	C3*F: 0.1260
C3*var.: 0.0083	C3*var.: 0.0016	C3*var.: 0.0305

Die berichteten Allelfrequenzen im Untersuchungsgebiet zeigen gegenüber der gesamtschweizerischen Stichprobe höhere Werte für das Allel C3*S und niedrigere für da Allel C3*F.

Die C3 Allelvarianten kommen mit einer auffallend hohen Häufigkeit im Saastal vor, im Mattertal dagegen im geringen Ausmass (ca. 0.16%).

Die Typisierung der Allelvarianten wurde von Herrn Prof. Ch. Rittner (Bonn) unternommen; für eine detailliertere Beschreibung der Phänotypen sei auf GAGLIARDI (1984) verwiesen. Im Kapitel V wird die geographische Verteilung der selteneren Phänotypen näher betrachtet.

1.3. Gruppenspezifische Komponente (GC)

Die Frequenzen der GC Allele in der schweizerischen Bevölkerung lauten nach SCHEFFRAHN (1983):

$GC*1S$: 0.5602

$GC*1F$: 0.1483

$GC*2$: 0.2910

Die Typisierung des GC in den Vispertälern ergab folgende Resultate:

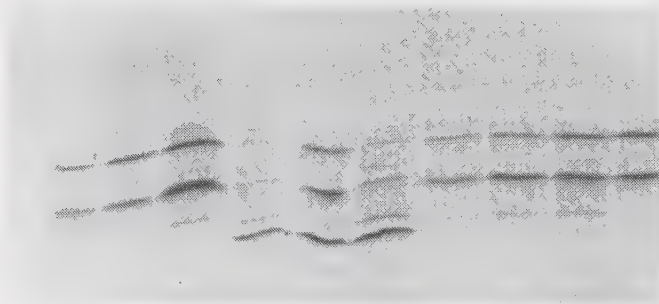
Visptal	Mattertal	Saastal
$GC*1S$: 0.5508	$GC*1S$: 0.5047	$GC*1S$: 0.5253
$GC*1F$: 0.1656	$GC*1F$: 0.1734	$GC*1F$: 0.1440
$GC*2$: 0.2770	$GC*2$: 0.3063	$GC*2$: 0.2957
$GC*1C1$: 0.0066	$GC*1C1$: 0.0141	$GC*1C1$: 0.0292
$GC*1C3$: 0.0000	$GC*1C3$: 0.0015	$GC*1C3$: 0.0058

Die Bevölkerung des Visptales zeigt Allelhäufigkeiten, die sich den gesamtschweizerischen Vergleichsdaten deutlich nähern; die Stichprobe aus den zwei Seitentälern weisen hingegen als Folge des Vorkommens seltener Allele leicht abweichende Werte auf.

Die Untersuchung der verschiedenen Stichproben aus dem Kanton Wallis im Rahmen des Projektes "Hämogenetische und Populationsgenetische Untersuchungen an Bevölkerungen des Wallis und der Walser Graubündens" hatte schon seltene Allele zum Vorschein gebracht, nämlich $GC*1C1$ und $GC*1C3$ (SCHEFFRAHN, 1983a).

Auch in unserer Stichprobe tauchten neben den "normalen" Allelen *GC*1F*, *GC*1S* und *GC*2* die oben genannten Varianten auf: Das Allel *GC*C1* kommt in allen drei Regionen vor, das *GC*C3* jedoch nur im Mattertal und Saastal.

⊕



①

1S-1C1
1S-1S
1S-1C1
2-1C1
2-1S
2-1C1
1S-1C1
1S-1C1
1S-1C1
1S-1S

Abb.5: GC Phänotypen in den Vispertälern.

Ueber die familiäre Verbreitung der Phänotypen wird im Kap.V berichtet.

1.4. Haptoglobin (HP)

Es konnten in unserer Stichprobe nur die 3 Phänotypen *HP 1*, *HP 2-1* und *HP 2* gefunden werden. Es kamen keine seltene Varianten zum Vorschein.

⊕

⊖

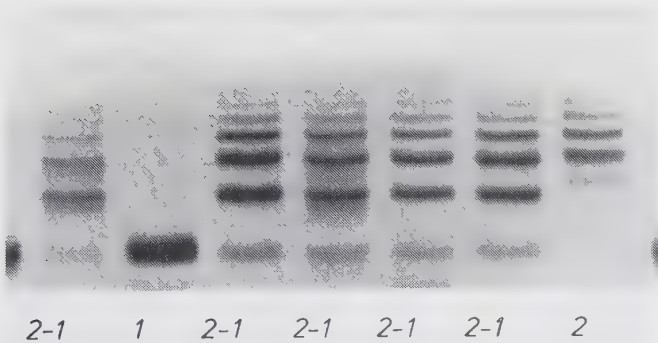


Abb.6: *HP* Phänotypen in den Vispertälern.

Die Frequenzen in der Schweiz (BERINGER, 1967) stimmen mit den bekannten Werten für europäische Stichproben gut überein:

*HP*1*: 0.4090

*HP*2*: 0.5910

Die berechneten Allelfrequenzen in den Walliser Stichproben sind hier zusammengefasst:

Visptal	Mattertal	Saastal
<i>HP*1</i> : 0.4556	<i>HP*1</i> : 0.3691	<i>HP*1</i> : 0.5603
<i>HP*2</i> : 0.5444	<i>HP*2</i> : 0.6309	<i>HP*2</i> : 0.4397

Die Allelhäufigkeiten in den drei Regionen unterscheiden sich deutlich von denjenigen aus der gesamtschweizerischen Stichprobe. Der Wert für das Allel *HP*1* liegt im Visptal bei 0.4556, im Saastal sogar bei 0.5603. Das Mattertal zeigt hingegen einen höheren Wert für das Allel *HP*2* (0.6309).

Bei 4 Probanden konnten nach dem elektrophoretischen Lauf keine Banden in der entsprechenden Position im Gel beobachtet werden: Diese als "Ahaptoglobulinämien" bezeichneten Phänotypen sind *quantitative* Varianten, die durch die Wirkung eines modifizierten Hp-Gens entstehen (GIBLETT, 1969); sie wurden bei der Berechnung der Allelfrequenzen nicht berücksichtigt.

2. INTRAZELLULÄRE ISOENZYM-POLYMORPHISMEN

2.1. Saure Erythrozyten-Phosphatase (ACP-E.C.3.1.3.2)

Dieses Enzymsystem zeigte in unserer Stichprobe keine Varianten:
Es konnten lediglich die gewöhnlichen Allele *ACP*A*, *ACP*B* und *ACP*C* nachgewiesen werden. Der homozygote Phänotyp *ACP C* wurde in der Stichprobe nicht gefunden.

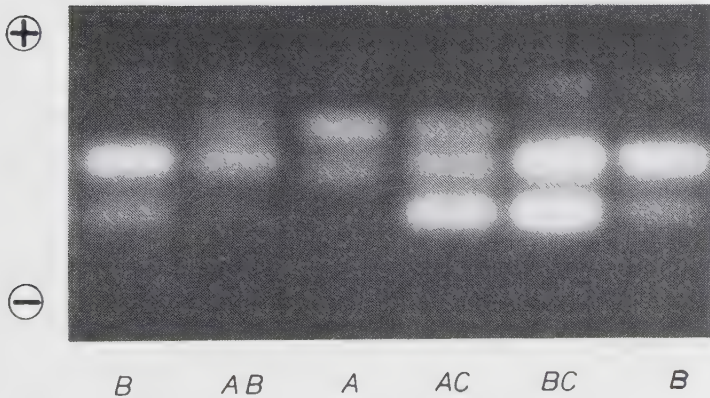


Abb.7: ACP Phänotypen in den Vispertälern.

Die bei einer schweizerischen Stichprobe berechneten Allelhäufigkeiten betragen (PFLUGSHAUPT et al., 1978):

ACP^*A : 0.345

ACP^*B : 0.607

ACP^*C : 0.049

Die erhaltenen Allelhäufigkeiten aus den Vispertälern werden hier zusammengefasst:

Visptal	Mattertal	Saastal
ACP^*A : 0.3758	ACP^*A : 0.2453	ACP^*A : 0.2490
ACP^*B : 0.5948	ACP^*B : 0.7280	ACP^*B : 0.7413
ACP^*C : 0.0294	ACP^*C : 0.0267	ACP^*C : 0.0097

Die Stichprobe aus dem Visptal zeigt Werte, die mit denjenigen aus der gesamtschweizerischen Stichprobe ziemlich gut übereinstimmen: Die Häufigkeit des ACP^*C Allels ist jedoch etwas niedriger. Im Gegensatz dazu nehmen das Mattertal und das Saastal eine Sonderstellung im Untersuchungsgebiet ein: Das Allel ACP^*A ist weniger häufig, das ACP^*B weist deutlich höhere Werte auf. Das Allel ACP^*C ist besonders im Saastal sehr schwach vertreten.

2.2. Adenosindesaminase (ADA-E.C.3.5.4.4)

Bei der Untersuchung des erythrozytären Enzyms ADA in unserer Stichprobe konnten nur die zwei normalen Allele *ADA*1* und *ADA*2* entdeckt werden, die die drei Phänotypen *ADA 1*, *ADA 2-1* und *ADA 2* bestimmen.

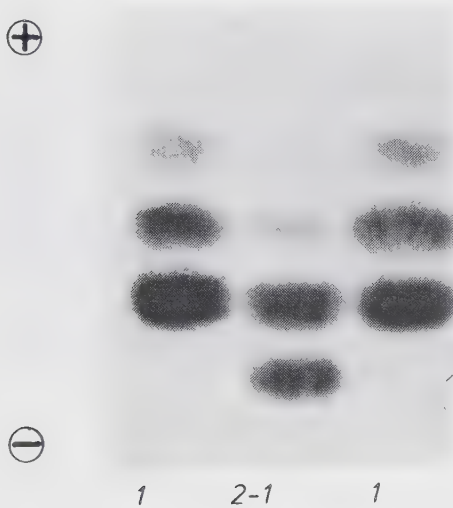


Abb.8: ADA Phänotypen in den Vispertälern.

In der Schweiz sowie in den meisten untersuchten europäischen Bevölkerungen liegt die Frequenz des Allels *ADA*1* um 90% (PFLUGHSHAUPT et al., 1978):

*ADA*1*: 0.9400

*ADA*2*: 0.0600

Die Berechnung der Allelfrequenzen im Untersuchungsgebiet brachte die folgenden Ergebnisse:

Visptal	Mattertal	Saastal
<i>ADA*1</i> : 0.9526	<i>ADA*1</i> : 0.9141	<i>ADA*1</i> : 0.9514
<i>ADA*2</i> : 0.0474	<i>ADA*2</i> : 0.0859	<i>ADA*2</i> : 0.0486

Das Visptal und das Saastal zeigen bezüglich der ADA ähnliche Allelhäufigkeiten: Beide zeigen etwas höhere Werte für das Allel *ADA*1* als es bei der gesamtschweizerischen Stichprobe der Fall ist. Das Mattertal unterscheidet sich hingegen in der deutlich höheren Frequenz des Allels *ADA*2* (0.0859).

2.3. Adenylatkinase (AK-E.C.2.7.4.3)

Die Untersuchung der Adenylatkinase in unserer Stichprobe liess keine Besonderheiten erkennen: es wurden lediglich die drei Phänotypen *AK 1*, *AK 2-1* und *AK 2* gefunden, die aus der Kombination der normalen Allele *AK*1* und *AK*2* entstehen.

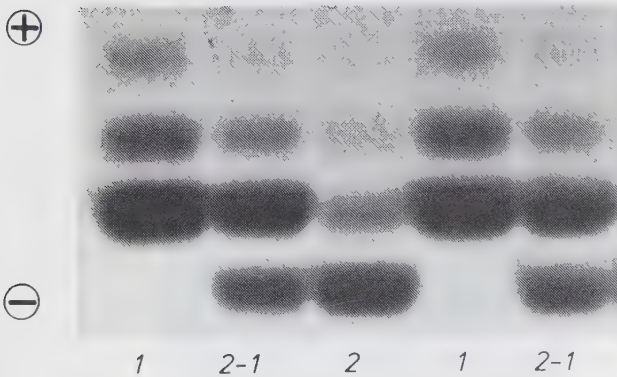


Abb.9: AK Phänotypen in den Vispertälern.

Ueber die Verteilung der AK-Allelen in der Schweiz wurde 1978 von PFLUGSHAUP et al. berichtet:

*AK*1*: 0.957

*AK*2*: 0.043

Es wurden im Untersuchungsgebiet die folgenden Allelhäufigkeiten erhalten:

Visptal	Mattertal	Saastal
<i>AK*1</i> : 0.9477	<i>AK*1</i> : 0.9250	<i>AK*1</i> : 0.8813
<i>AK*2</i> : 0.0523	<i>AK*2</i> : 0.0750	<i>AK*2</i> : 0.1187

Alle drei Regionen zeigen eine niedrigere Frequenz des Allels *AK*1* im Vergleich zur gesamtschweizerischen Stichprobe. Einen extremen Fall stellt die Stichprobe aus dem Saastal dar mit einer Häufigkeit des Allels *AK*1* von nur 0.8813.

2.4. Amylase-2 (AMY-2E.C.3.2.1.1)

Die Typisierung dieses Enzyms (unternommen von Herrn Dr. H.-G. Scheil, Institut für Humangenetik und Anthropologie, Düsseldorf) führte zu keinen Varianten: Es konnten nämlich nur die Phänotypen *AMY-2 1*, *AMY-2 2-1* und *AMY-2 2* identifiziert werden, die von den "normalen" Allelen *AMY-2*1* und *AMY-2*2* determiniert sind.

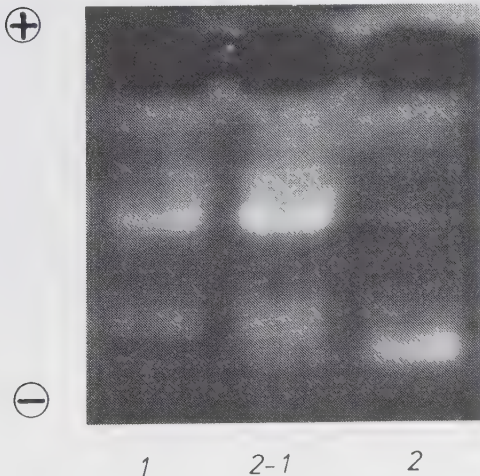


Abb.10: *AMY-2* Phänotypen in den Vispertälern (mit freundlicher Genehmigung von Herrn Dr. H.-G. Scheil).

Die Allelfrequenzen in der Schweiz wurden durch eine ausgedehnte populationsgenetische Untersuchung bei mehreren Stichproben gewonnen (SCHEIL & SCHEFFRAHN, 1985):

*AMY-2*1*: 0.9595

*AMY-2*2*: 0.0405

Die Bevölkerungen aus dem Wallis weisen die folgenden Häufigkeiten auf:

Visptal	Mattertal	Saastal
<i>AMY-2*1</i> : 0.9484	<i>AMY-2*1</i> : 0.9297	<i>AMY-2*1</i> : 0.9602
<i>AMY-2*2</i> : 0.0516	<i>AMY-2*2</i> : 0.0703	<i>AMY-2*2</i> : 0.0398

Die Bevölkerung aus dem Saastal in erster Linie aber auch aus dem Visptal zeigen Allelfrequenzen, die mit den Vergleichsdaten aus der gesamtschweizerischen Stichprobe gut übereinstimmen. Die Typisierung des Enzyms im Mattertal ergab hingegen Werte, die innerhalb des Untersuchungsgebietes sowie im Vergleich zu den gesamtschweizerischen Daten eine Sondertstellung einnehmen: Das Allel *AMY-2*1* zeigt nämlich eine deutlich niedrigere Häufigkeit.

2.5. Esterase D (*ESD*-E.C.3.1.1.1)

In unserer Stichprobe wurden die drei Phänotypen *ESD* 1, *ESD* 2-1 und *ESD* 2 gefunden, an denen die normalen Allele *ESD**1 und *ESD**2 beteiligt sind.

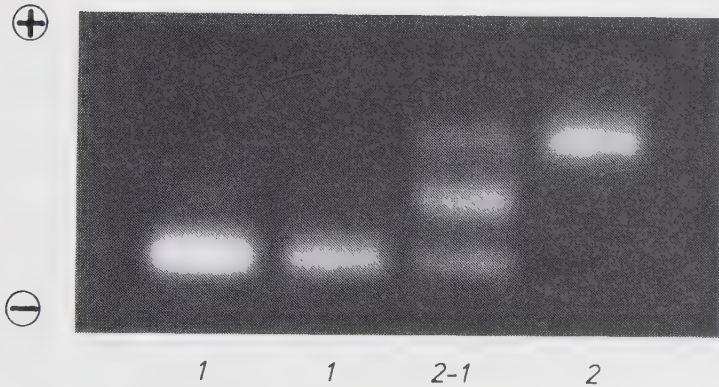


Abb.11: *ESD* Phänotypen in den Vispertälern.

Die Berechnung der Allelhäufigkeiten in der schweizerischen Bevölkerung brachte die folgenden Ergebnisse (PFLUGSHAUPT et al., 1978):

*ESD*1*: 0.867

*ESD*2*: 0.133

Die berechneten Allelfrequenzen in den Vispertälern sind:

Visptal	Mattertal	Saastal
<i>ESD*1</i> : 0.9167	<i>ESD*1</i> : 0.8938	<i>ESD*1</i> : 0.8852
<i>ESD*2</i> : 0.0833	<i>ESD*2</i> : 0.1062	<i>ESD*2</i> : 0.1148

Die Bevölkerungen der drei Täler zeigen eine höhere Häufigkeit des Allels *ESD*1* im Vergleich zu der gesamtschweizerischen Stichprobe. Das Ausmass dieser Differenz ist jedoch bescheiden: Der höchste Wert liegt nämlich bei 0.9167 (Stichprobe aus dem Visptal).

Eine Subtypisierung des Systems zum Nachweis des 1979 von MARTIN beschriebenen *ESD*5* Allels wurde nicht unternommen.

2.6. Galaktose-1-P-Uridyltransferase (GALT-E.C.2.7.7.12)

Die GALT wurde in unserer Stichprobe mit Hilfe der Agarosegel-Elektrophorese untersucht. Es konnten die Allele *GALT*1* und *GALT*2* und deren Produkte *GALT 1*, *GALT 2-1* und *GALT 2* nachgewiesen werden.

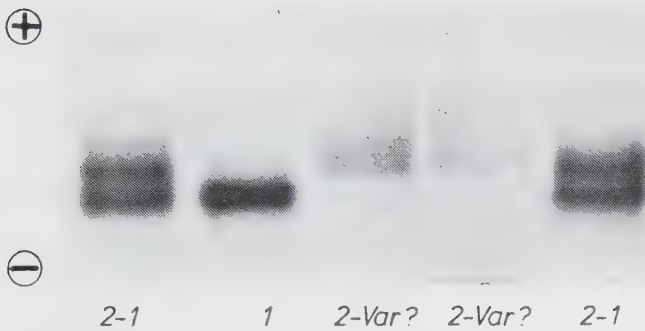


Abb.12: GALT Phänotypen in den Vispertälern

Die Frequenz der GALT Allele in der schweizerischen Bevölkerung beträgt (PFLUGSHAUPT et al., 1978):

*GALT*1*: 0.920

*GALT*2*: 0.080

Die Berechnung der Allelfrequenzen im Untersuchungsgebiet ergab die folgenden Resultate:

Visptal	Mattertal	Saastal
<i>GALT*1</i> : 0.9213	<i>GALT*1</i> : 0.9373	<i>GALT*1</i> : 0.9280
<i>GALT*2</i> : 0.0787	<i>GALT*2</i> : 0.0627	<i>GALT*2</i> : 0.0720

Die Verteilung der Allelfrequenzen im Untersuchungsgebiet zeigt keine auffallenden Diskrepanzen zwischen den drei Regionen.

Die berechneten Werte stimmen darüber hinaus mit den Vergleichsdaten aus der gesamtschweizerischen Stichprobe gut überein.

Ausserdem wurde bei 2 nicht verwandten Probanden ein heterozygoter Phänotyp entdeckt, der vom "Standard"-Typ abweicht und eine ähnliche 2-Bande zeigt wie die in der Literatur als "Duarte" bezeichnete Variante (SPIELMANN & KUEHNEL, 1982). Weil eine eindeutige Bestimmung nicht möglich war, wurden die 2 Phänotypen in die Berechnung der Allelfrequenzen nicht einbezogen.

2.7. Glyoxalase-1 (*GLO-1*-E.C.4.4.1.5)

Die Typisierung der Glyoxalase-1 im Untersuchungsgebiet ergab keine aussergewöhnlichen Resultate. Es wurden die 2 Allele *GLO-1*1* und *GLO-1*2* mit deren Produkten *GLO-1 1*, *GLO-1 2-1* und *GLO-2* gefunden.

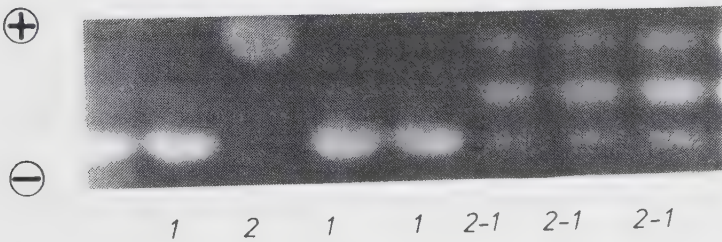


Abb.13: *GLO-1* Phänotypen in den Vispertälern

Die in der Schweiz berechneten Allelfrequenzen lauten nach PFLUGSHAUPT et al. (1978):

*GLO-1*1*: 0.444

*GLO-1*2*: 0.556

Die Typisierung des Systems in den Vispertälern ergab die folgenden Allelhäufigkeiten:

Visptal	Mattertal	Saastal
<i>GLO-1*1</i> : 0.5196	<i>GLO-1*1</i> : 0.5844	<i>GLO-1*1</i> : 0.5681
<i>GLO-1*2</i> : 0.4804	<i>GLO-1*2</i> : 0.4156	<i>GLO-1*2</i> : 0.4319

Bezüglich der *GLO-1* Allele unterscheiden sich die Bevölkerungen aus dem Untersuchungsgebiet von der gesamtschweizerischen Stichprobe sehr deutlich. In den drei Regionen ist nämlich das Verhältnis zwischen den Häufigkeiten beider Allele umgekehrt: Das *GLO-1*1* Allel zeigt jeweils einen höheren Wert als das *GLO-1*2* Allel, insbesondere im Mattertal.

2.8. 6-Phosphogluconat-Dehydrogenase (6-PGD-E.C.1.1.1.44)

Es konnten in unserer Stichprobe die normalen Allele 6-PGD*A und 6-PGD*B sowie die seltene Variante 6-PGD*Richmond (Häufigkeit bei Weissen von ungefähr 0.2%) mit den Phänotypen 6-PGD A, 6-PGD AB, 6-PGD B und 6-PGD AR gefunden werden.

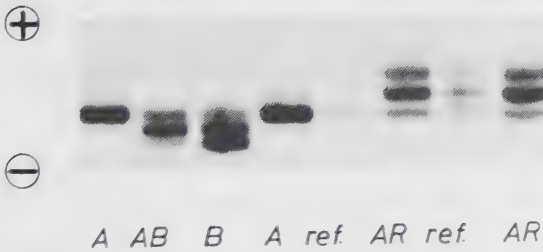


Abb.14: 6-PGD Phänotypen in den Vispertälern.

Die Häufigkeiten in der schweizerischen Bevölkerungen betragen (Gerichtl. Mediz. Inst. Univ. Zürich, siehe MUELLER, 1979):

$$6\text{-PGD}^*A: 0.971$$

$$6\text{-PGD}^*B: 0.029$$

Die Berechnung der Allelhäufigkeiten in den Walliser Stichproben brachte diese Resultate:

Visptal	Mattertal	Saastal
$6\text{-PGD}^*A: 0.9902$	$6\text{-PGD}^*A: 0.9891$	$6\text{-PGD}^*A: 0.9514$
$6\text{-PGD}^*B: 0.0098$	$6\text{-PGD}^*B: 0.0078$	$6\text{-PGD}^*B: 0.0486$
$6\text{-PGD}^*\text{var}: 0.0000$	$6\text{-PGD}^*\text{var}: 0.0031$	$6\text{-PGD}^*\text{var}: 0.0000$

Die Stichproben aus dem Mattertal bzw. Visptal zeigen ähnliche Häufigkeiten, die sich denjenigen aus der gesamtschweizerischen Stichprobe nähern. Die Bevölkerung aus dem Saastal zeigt hingegen einen hohen 6-PGD^*B -Wert (fast doppel so gross wie in der gesamtschweizerischen Stichprobe): Die Hypothese der familiären Anhäufung als Ursache dieses Geschehens wird später (siehe Kap. V) geprüft.

Die Untersuchung der 6-PGD lieferte darüber hinaus ein bemerkenswertes Resultat : Es wurde nämlich bei einem Mann und seinem Sohn der erstmals von PARR (1966) beschriebene Phänotyp 6-PGD^*AR (Richmond) entdeckt. Eine vollständige familiäre Abklärung des Befundes war leider bis heute nicht möglich.

Es gelang immerhin den Stammbaum der betroffenen Probanden aufzustellen: Die väterliche Linie konnte bis ins 17. Jahrhundert

zurück rekonstruiert werden. Es wurden in diesem Stammbaum nur 2 Individuen (Vater und Tochter) aus dem Nachbartal nachgewiesen, alle anderen Angehörigen stammen aus dem Heimatort der Probanden oder aus den nahe liegenden Gemeinden des Tales. Die Mutter des 6-PGD-Varianten-Trägers kam hingegen aus dem französisch-sprachigen Wallis: Der Stammbaum konnte mit den zur Verfügung stehenden genealogischen Angaben nicht rekonstruiert werden. Es war immerhin möglich, den Wohnort der Geschwister des Probanden zu erfassen: Die präliminären Schritte im Sinne einer Vervollständigung der Untersuchung nach der Vererbung der Variante sind damit geschaffen worden.

Für die Bereitstellung einer *6-PGD AR* Referenz-Probe sei Herrn Dr. W. Bär und Frau dipl. anthrop. V. Biedermann (Gerichtl. Med. Inst. Universität Zürich) an dieser Stelle gedankt.

2.9. Phosphoglucomutase-1 (*PGM-1*-E.C.2.7.5.1)

Die Typisierung der *PGM-1* in unserer Stichprobe brachte keine aussergewöhnlichen Ergebnisse: Es wurden lediglich die normalen Allele *PGM-1*1*, *PGM-1*2*, *PGM-1*3* und *PGM-1*4* und die aus deren Kombination entstehenden 10 Phänotypen nachgewiesen.

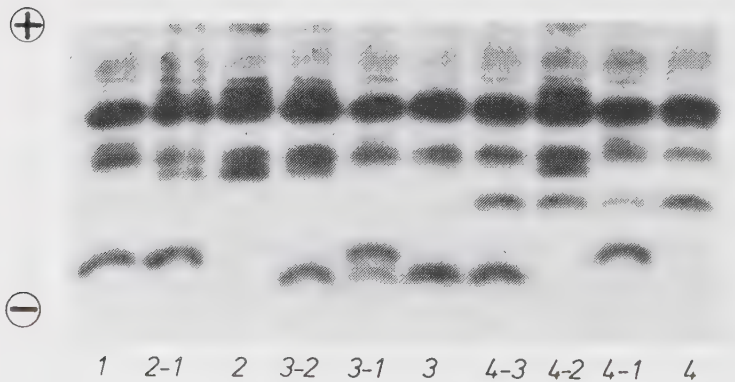


Abb.15: *PGM-1* Phänotypen in den Vispertälern.

Die Allelhäufigkeiten in der Schweiz betragen (SCHERZ et al., 1981):

*PGM-1*1*: 0.6278

*PGM-1*2*: 0.1936

*PGM-1*3*: 0.1297

*PGM-1*4*: 0.0489

Die Bevölkerungen aus den Vispertälern weisen folgende Allelfrequenzen auf:

Visptal	Mattertal	Saastal
<i>PGM-1*1</i> : 0.6797	<i>PGM-1*1</i> : 0.7344	<i>PGM-1*1</i> : 0.6984
<i>PGM-1*2</i> : 0.1650	<i>PGM-1*2</i> : 0.0906	<i>PGM-1*2</i> : 0.0973
<i>PGM-1*3</i> : 0.1242	<i>PGM-1*3</i> : 0.1375	<i>PGM-1*3</i> : 0.1479
<i>PGM-1*4</i> : 0.0311	<i>PGM-1*4</i> : 0.0375	<i>PGM-1*4</i> : 0.0564

Während die berechneten Häufigkeiten für die Allele *PGM-1*3* und *PGM-1*4* mit den Vergleichsdaten aus der gesamtschweizerischen Stichprobe gut übereinstimmen, können wir bei *PGM-1*1* und *PGM-1*2* auffallend höhere bzw. niedrigere Werte feststellen.

Das ist vor allem bei den Stichproben aus dem Mattertal und aus dem Saastal der Fall. Die familiäre Anhäufung in den lokalen Populationen und deren Auswirkung bei der Berechnung der Allelfrequenzen in der Stichprobe aus der ganzen Region dürfte auch in diesem Fall nicht ohne Bedeutung bleiben.

3. TABELLARISCHER UEBERBLICK

3.1. Allelfrequenzen

Die Tabelle 4 gibt den Ueberblick über die gesamten Allelhäufigkeiten in den einzelnen Dörfern bzw. Tälern sowie in dem ganzen Untersuchungsgebiet.

3.2. Hardy-Weinberg-Gleichgewicht

Es geht aus den zusammengestellten Daten (siehe Anhang A und B) hervor, dass sich die Stichproben bei den untersuchten Systemen im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht befinden. Die einzige Ausnahme bildet der Properdinfaktor B (BF) in der gesamten Stichprobe, im Visptal und im Mattertal: Das ist aber vermutlich auf eine fehlerhafte Interpretation der Befunde bei den frühesten Elektrophoreseläufen zurückzuführen.

System	Allel	Viperflügel	Viperst	Mattertal	Saastal	Visp	Vispi	Sta.	Str.	Embd	Grö.	Ra.	S.Nl.	Ti.	Za.	Eisten	S.Ba.	S.Gr.	S.Fee	S.Al.
BF	S	0.8337	0.8273	0.8328	0.8424	0.7727	0.8623	0.8068	0.7727	0.8256	0.7089	0.8276	0.8466	0.8148	0.8800	0.8536	0.8947	0.9046	0.7727	0.7957
	F	0.1436	0.1563	0.1531	0.1167	0.1331	0.1331	0.1667	0.1046	0.1174	0.1352	0.1352	0.1420	0.1296	0.1331	0.1364	0.10921	0.0774	0.1414	0.2143
	F1	0.0091	0.0049	0.0063	0.0175	0.0036	0.0036	0.0076	0.0046	0.0046	0.0046	0.0046	0.0046	0.0076	0.0000	0.0000	0.0000	0.0059	0.0404	0.0000
	F1.0	0.0136	0.0115	0.0078	0.0234	0.0454	0.0000	0.0189	0.0227	0.0000	0.0000	0.0172	0.0114	0.0076	0.0000	0.0000	0.0132	0.0019	0.0435	0.0000
C	S	0.8526	0.8571	0.8553	0.8435	0.7727	0.8713	0.8674	0.7500	0.9186	0.8176	0.8707	0.8729	0.9259	0.8208	0.8409	0.8026	0.8600	0.8485	0.8214
	F	0.1333	0.1346	0.1431	0.1260	0.1818	0.1250	0.1250	0.2273	0.0814	0.1724	0.1724	0.1761	0.0741	0.1644	0.1364	0.1711	0.1164	0.1162	0.1072
	F1	0.0021	0.0003	0.0016	0.0005	0.0455	0.0037	0.0076	0.0227	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0068	0.0227	0.0263	0.0206	0.0353	0.0714
	var																			
GC	S	0.5266	0.5508	0.5047	0.5353	0.4091	0.6214	0.4962	0.5000	0.4070	0.4138	0.5172	0.5477	0.4815	0.4700	0.5237	0.5395	0.4762	0.5758	0.3979
	F	0.1625	0.1556	0.1771	0.1440	0.1182	0.1714	0.1515	0.1364	0.1163	0.1997	0.1207	0.1477	0.2467	0.2467	0.1818	0.0921	0.1786	0.1111	0.2500
	F1	0.0295	0.0166	0.0303	0.0297	0.0272	0.0202	0.3409	0.3409	0.4651	0.3985	0.3276	0.1989	0.1989	0.3276	0.2935	0.3552	0.2359	0.2939	0.3571
	var																			
HP	S	0.4550	0.4556	0.3691	0.5603	0.6000	0.4071	0.4671	0.5391	0.3452	0.4386	0.3103	0.3526	0.5000	0.3600	0.6364	0.6379	0.5655	0.5101	0.5000
	F	0.5450	0.5444	0.6309	0.4397	0.4000	0.5929	0.5379	0.3409	0.6548	0.5714	0.5897	0.6364	0.5000	0.6400	0.3636	0.3421	0.4345	0.4899	0.5000
	F1	0.9449	0.9464	0.9297	0.9602	1.0000	0.9556	0.9380	0.9500	0.9186	0.9464	0.9479	0.9483	0.8889	0.9577	0.9318	0.9474	0.9810	0.9594	0.8571
	var																			
ADA	S	0.9383	0.9526	0.9141	0.9514	0.9167	0.9393	0.9621	0.9000	0.9070	0.8655	0.8124	0.9205	0.8889	0.9467	0.8773	0.8816	0.9540	0.9386	0.9439
	F	0.0617	0.0474	0.0859	0.0486	0.0833	0.0607	0.0606	0.1364	0.0930	0.1352	0.0984	0.0511	0.1296	0.0367	0.1591	0.1316	0.1310	0.0960	0.1071
	F1	0.9202	0.9477	0.9250	0.8813	1.0000	0.9643	0.9394	0.8636	0.9070	0.8448	0.9052	0.9489	0.8704	0.9713	0.8409	0.8684	0.8690	0.9040	0.8979
	var																			
AK	S	0.8992	0.9167	0.8938	0.8852	0.8333	0.9393	0.9129	0.8409	0.8837	0.9555	0.9138	0.8854	0.8518	0.8800	0.7955	0.8816	0.8750	0.9141	0.8979
	F	0.1008	0.0833	0.1062	0.1148	0.1667	0.0607	0.0871	0.1591	0.1163	0.1045	0.1082	0.1136	0.1482	0.1200	0.2045	0.1184	0.1250	0.0859	0.1071
	F1	0.9291	0.9213	0.9373	0.9280	1.0000	0.9107	0.9160	0.9773	0.8452	0.9828	0.9569	0.9318	0.9630	0.9533	0.8409	0.9211	0.9146	0.9386	0.9000
	var																			
GALT	S	0.9709	0.9713	0.9713	0.9720	1.0000	0.0893	0.0840	0.0227	0.1548	0.0172	0.0431	0.0682	0.0370	0.0467	0.1591	0.0789	0.0714	0.0606	0.0000
	F	0.0709	0.0787	0.0637	0.0270	0.0000	0.9107	0.9160	0.9773	0.8452	0.9828	0.9569	0.9318	0.9630	0.9533	0.8409	0.9211	0.9146	0.9386	0.9000
	F1	0.5372	0.5196	0.5644	0.5681	0.5000	0.4643	0.5492	0.7045	0.8256	0.5172	0.6121	0.5388	0.5741	0.5067	0.5000	0.4868	0.6348	0.5606	0.5000
	var																			
GLO	S	0.4428	0.4904	0.4156	0.4319	0.5000	0.5357	0.4508	0.2955	0.1744	0.4828	0.3879	0.4602	0.4259	0.4333	0.5000	0.5132	0.3452	0.4384	0.5000
	F	0.5372	0.5196	0.5644	0.5681	0.5000	0.4643	0.5492	0.7045	0.8256	0.5172	0.6121	0.5388	0.5741	0.5067	0.5000	0.4868	0.6348	0.5606	0.5000
	F1	0.9202	0.9477	0.9250	0.8813	1.0000	0.9643	0.9394	0.8636	0.9070	0.8448	0.9052	0.9489	0.8704	0.9713	0.8409	0.8684	0.8690	0.9040	0.8979
	var																			
G-PCO	S	0.9785	0.9903	0.9801	0.9314	1.0000	0.0893	0.0840	0.0227	0.1548	0.0172	0.0431	0.0682	0.0370	0.0467	0.1591	0.0789	0.0714	0.0606	0.0000
	F	0.0204	0.0098	0.0196	0.0685	0.0000	0.9107	0.9160	0.9773	0.8452	0.9828	0.9569	0.9318	0.9630	0.9533	0.8409	0.9211	0.9146	0.9386	0.9000
	F1	0.9011	0.9000	0.9000	0.9000	1.0000	0.0893	0.0840	0.0227	0.1548	0.0172	0.0431	0.0682	0.0370	0.0467	0.1591	0.0789	0.0714	0.0606	0.0000
	var																			
IPCM-1	S	0.7050	0.6797	0.7344	0.6984	0.7917	0.6536	0.6818	0.7777	0.6744	0.6897	0.7759	0.7373	0.7373	0.7666	0.7737	0.6843	0.6310	0.7373	0.8214
	F	0.1183	0.1650	0.0906	0.0973	0.1667	0.2036	0.1364	0.0910	0.1153	0.1207	0.1017	0.1364	0.1296	0.1296	0.0667	0.0727	0.0790	0.1214	0.8214
	F1	0.1359	0.1242	0.1375	0.1375	0.0000	0.1142	0.1477	0.1136	0.1744	0.0862	0.1552	0.1364	0.1296	0.1296	0.2046	0.1578	0.2046	0.0999	0.0714
	var																			
IACP	S	0.2917	0.3758	0.2453	0.2490	0.2500	0.4000	0.3523	0.4318	0.1977	0.2069	0.2414	0.2376	0.3148	0.2800	0.2954	0.3237	0.1667	0.1667	0.2857
	F	0.6856	0.5948	0.7280	0.7413	0.7083	0.3786	0.6060	0.5882	0.7907	0.7069	0.7510	0.7236	0.6796	0.6933	0.7046	0.7763	0.8095	0.6869	0.7143
	F1	0.0227	0.0294	0.0267	0.0097	0.0417	0.0214	0.0417	0.0000	0.0116	0.0862	0.1008	0.0174	0.0556	0.0267	0.0000	0.0000	0.0238	0.0000	0.0000
	var																			

Tab. 4: Allelfrequenzen im Untersuchungsgebiet.

4. BEVOELKERUNGSVERGLEICH DER BEFUNDE

4.1. Intraregionaler Vergleich der Allelfrequenzen

Es geht aus den berichteten Befunden hervor, dass die Allelhäufigkeiten starke Variationen zeigen; ob letztere als unerhebliche, zufällige Schwankungen oder als statistisch signifikante Unterschiede zu erkennen sind, sollen die hier zusammengefassten χ^2 -Tests absichern (Tab.5).

Es sei zunächst das *Visptal* mit dem *Mattertal* bzw. dem *Saastal* konfrontiert: das Verhältnis von signifikanten zu nicht-signifikanten Irrtumswahrscheinlichkeiten liegt bei 7 zu 6 bzw. 8 zu 5. Andererseits erweisen sich die Unterschiede in den Allelfrequenzen zwischen *Mattertal* und *Saastal* bei 9 der 13 untersuchten Systeme als statistisch signifikant.

Darüber hinaus lenkt die irreguläre Verteilung der Allelfrequenzen innerhalb der Täler Aufmerksamkeit auf sich (siehe Anhang C). Die überwiegend grossen lokalen Variationen können vermutlich als Folge von familiären Anhäufungen erklärt werden: Nur die genealogische Untersuchung wird eine solche Interpretationsmöglichkeit belegen können.

System	Visptal/Mattertal	FG	Sign.
BF	25.7230	3	+
C3	2.4061	2	-
GC	15.4551	7	-
HP	19.8191	2	+
ACP	59.3650	3	+
ADA	10.8048	1	+
AK	5.3184	1	+
AMY-2	2.6319	1	-
ESD	2.7101	1	-
GALT	3.6853	1	-
GLO	14.7396	2	+
6-PGD	0.0620	1	-
PGM-1	29.3623	6	+

System	Visptal/Saastal	FG	Sign.
BF	23.4983	4	+
C3	10.3880	3	+
GC	26.9230	7	-
HP	27.6240	2	+
ACP	82.9713	3	+
ADA	0.0000	-	-
AK	27.6893	2	+
AMY-2	2.5441	1	-
ESD	6.1769	2	-
GALT	0.8790	1	-
GLO	9.4284	2	+
6-PGD	20.1742	1	+
PGM-1	31.0546	7	+

System	Mattertal/Saastal	FG	Sign.
BF	45.0035	4	+
C3	19.4042	3	+
GC	14.2138	7	+
HP	100.8560	2	+
ACP	19.8609	3	+
ADA	22.1228	1	+
AK	11.6936	2	+
AMY-2	11.4015	1	+
ESD	2.2193	2	-
GALT	1.3969	1	-
GLO	1.8902	2	-
6-PGD	19.8448	1	+
PGM-1	13.9135	7	-

Tab.5: Intraregionale Vergleiche mit dem χ^2 -Test ($p < 0.05$).

4.2. Interregionaler Vergleich der Allelfrequenzen.

a) Vergleich mit dem χ^2 -Test

Um die Eigentümlichkeit der genetischen Struktur der Vispertäler hervorzuheben ist der Vergleich mit den umwohnenden Bevölkerungen unerlässlich. Zu diesem Zweck ist es erforderlich, die auf Grund der Allelfrequenzen anzunehmende Stellung des Untersuchungsgebietes mit Hilfe χ^2 -Tests zu prüfen.

Die errechneten Allelfrequenzen werden zunächst denjenigen einer weiteren Walliser Stichprobe gegenübergestellt (siehe Tab. 6): Die Region von Brig (die sich um die Abzweigungsstelle der Vispertäler aus dem Rhonetal erstreckt) wurde als Vergleichsbasis genommen. (siehe Abb. 24).

Das *Saastal* weist bei 9 von 12 Systemen eine signifikante Abweichung auf; weniger markant ist die Differenz zwischen positiven und negativen Antworten beim *Mattertal* (7/5).

Das Visptal zeigt hingegen mit dem Verhältnis 7/6 die grösste Ähnlichkeit zu den Werten aus der Stichprobe "Brig", was nicht überraschend ist, wenn wir die geographische Lage der Region, die Anzahl Einwohner pro Dorf und die engeren wirtschaftlich bedingten Beziehungen zu der Rhonetal-Bevölkerung betrachten.

Der Vergleich der Vispertäler mit der gesamtschweizerischen Stichprobe ergibt bei 9 von 13 Systemen die Zurückweisung der Nullhypothese (siehe Tab. 7): Die Unterteilung in die drei Täler

System	Vispertäler	FG	Sign.	Visptal	FG	Sign.
BF	72.7967	4	+	26.9055	4	+
C3	19.9996	3	+	6.7069	2	+
GC	83.4603	5	+	7.5093	5	-
HP	0.8489	2	-	0.0341	2	-
ACP	-			-		
ADA	51.2138	1	+	5.0095	1	+
AK	0.5667	1	-	9.2761	1	+
AMY-2	0.0069	1	-	0.1651	1	-
ESD	8.7806	2	+	9.4237	2	+
GALT	18.9440	2	+	14.1165	1	+
GLO	22.2616	2	+	3.2068	2	-
6-PGD	0.6778	1	-	5.3474	1	+
PGM-1	22.8647	8	+	9.5638	8	-

System	Mattertal	FG	Sign.	Saastal	FG	Sign.
BF	42.6626	4	+	28.0546	4	+
C3	8.7576	2	+	11.6759	2	+
GC	14.0511	5	+	33.9239	5	+
HP	21.0713	2	+	22.0960	2	+
ACP	-			-		
ADA	0.2192	1	-	3.8420	1	+
AK	0.5548	1	-	7.6141	1	+
AMY-2	1.8452	1	-	2.4341	1	-
ESD	3.4962	2	-	1.0156	2	-
GALT	1.7288	1	-	6.2533	1	+
GLO	17.0660	2	+	7.9563	2	+
6-PGD	4.7292	1	+	11.7227	1	+
PGM-1	22.7195	8	+	13.4414	7	-

Tab. 6: Vergleich mit der Stichprobe aus dem Rhonetal: χ^2 -Test ($p > 0.05$).

System	Vispertäler	FG	Sign.	Visptal	FG	Sign.
BF	83.9879	4	+	24.6782	4	+
C3	65.8956	3	+	14.5352	2	+
GC	71.6385	5	+	8.8651	5	-
HP	16.6528	2	+	5.4780	2	-
ACP	60.4153	4	+	6.6792	4	-
ADA	0.2999	1	-	1.3918	1	-
AK	54.1324	1	+	0.7658	1	-
AMY-2	9.6025	1	+	2.2434	1	-
ESD	15.9626	2	+	13.1258	2	+
GALT	1.9749	2	-	0.0364	1	-
GLO	4.1154	2	-	18.6434	2	-
6-PGD	3.8137	1	-	8.0065	1	+
PGM-1	79.8050	8	+	14.0324	8	-

System	Mattertal	FG	Sign.	Saastal	FG	Sign.
BF	36.2479	4	+	33.7011	4	+
C3	15.6141	2	+	17.2113	2	+
GC	37.9443	5	+	69.7084	5	+
HP	4.1844	2	+	52.1365	2	+
ACP	44.4456	4	+	47.9350	3	+
ADA	9.5749	1	+	1.3235	1	-
AK	16.3356	1	+	66.7954	1	+
AMY-2	13.2564	1	+	0.0004	1	-
ESD	5.5805	2	-	1.9740	2	-
GALT	3.4721	1	-	0.5629	1	-
GLO	57.3218	2	+	34.3737	2	+
6-PGD	7.3924	1	+	6.2583	1	+
PGM-1	57.1373	8	+	35.9612	7	+

Tab.7: Vergleich mit der gesamtschweizerischen Stichprobe : χ^2 -Test (p>0.05).

zeigt uns, dass es vor allem das Mattertal (11/2) und das Saastal (9/4) sind, die zu diesem Ergebnis beitragen.

b) Genetische Distanzen und Cluster-Analyse

Wiederum unter Berücksichtigung der relativ beschränkten Zuverlässigkeit der Resultate bei einigen schwach repräsentierten Gemeinden, wurde die Berechnung der genetischen Distanz der Dörfer zu einer gesamtschweizerischen Stichprobe für die Beurteilung der Befunde in Betracht gezogen (siehe Tab. 8).

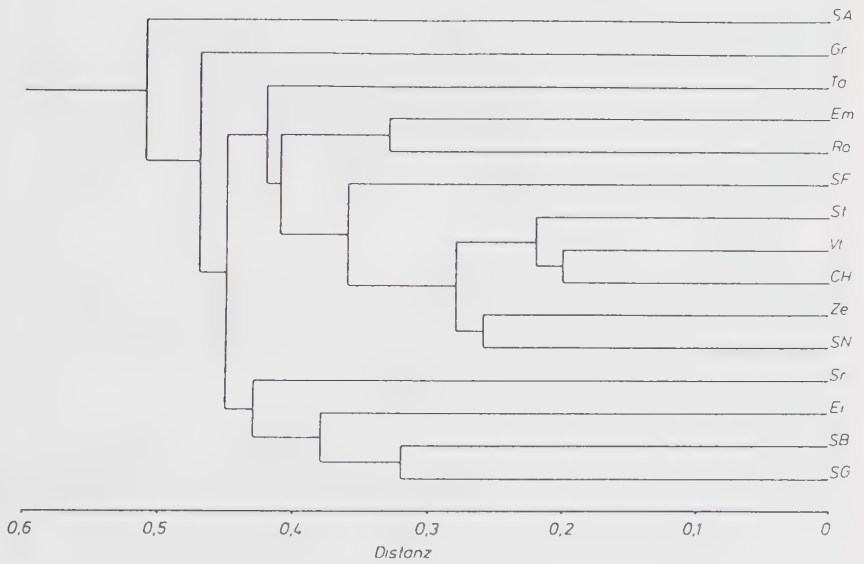
Ein bemerkenswertes Ergebnis der darauf basierenden Cluster-Analyse stellt die Sonderstellung von Saas Fee, St. Niklaus und Zermatt dar (siehe Abb. 16). Ersteres zeigt sich als Aussenseiter innerhalb der Saaser-Dörfer: Der Befund legt die Vermutung nahe, dass sich Saas Fee von den übrigen Talgemeinden bezüglich der genetischen Struktur deutlich distanziert. Ähnliches trifft auf Zermatt und St. Niklaus zu, indem sie auch vom eigenen Talpool abweichen; darüber hinaus fällt die Annäherung beider Ortschaften zur gesamtschweizerischen Stichprobe auf.

	EM	GR	RA	TA	ST	ZE	SN	SR	SB	SA	EI	SF	SG	VT	CH
EM	x														
GR	0.53	x													
RA	0.33	0.51	x												
TA	0.47	0.50	0.37	x											
ST	0.37	0.38	0.32	0.35	x										
ZE	0.42	0.39	0.35	0.42	0.28	x									
SN	0.39	0.47	0.33	0.44	0.29	0.26	x								
SR	0.55	0.50	0.49	0.46	0.39	0.46	0.50	x							
SB	0.46	0.50	0.39	0.50	0.40	0.41	0.39	0.42	x						
SA	0.57	0.48	0.45	0.51	0.49	0.42	0.56	0.55	0.46	x					
EI	0.49	0.53	0.48	0.51	0.41	0.42	0.47	0.40	0.36	0.50	x				
SF	0.50	0.40	0.38	0.39	0.26	0.38	0.38	0.39	0.42	0.49	0.45	x			
SG	0.45	0.51	0.44	0.42	0.37	0.41	0.44	0.46	0.33	0.58	0.40	0.39	x		
VT	0.46	0.47	0.45	0.46	0.23	0.28	0.28	0.51	0.48	0.58	0.48	0.38	0.46	x	
CH	0.47	0.43	0.44	0.45	0.20	0.27	0.28	0.44	0.41	0.55	0.48	0.36	0.43	0.20	x

Tab.8: Genetische Distanzen zwischen den Gemeinden und einer gesamtschweizerischen Stichprobe (PREVOSTI-Distances, Similarity coefficients). Abkürzungen: CH=gesamtschweiz. Stichprobe, EI=Eisten, EM=Embd, GR=Grächen, RA=Randa, SA=Saas Almagell, SB=Saas Balen, SF=Saas Fee, SG=Saas Grund, SN=St.Niklaus, ST=Stalden, SR=Staldenried, TA=Täsch, VT=Visperterminen, ZE=Zermatt.

Abb.16: Cluster Analyse. Vergleich mit einer gesamtschweizer. Stichprobe.

Abkürzungen s. Tab. 8.



4.3. Zusammenfassung

Es können die folgenden Schlüsse gezogen werden:

- 1) Der Vergleich der Allelfrequenzen in den *Tälern* mit dem χ^2 -Test zeigt die kleinste Abweichung zwischen Mattertal und Vispatal; das Saastal scheint sich vom Vispatal etwas deutlicher zu distanzieren.

Der Vergleich Mattertal/Saastal ergibt bei 9 von den 13 untersuchten Erythrozyten- bzw. Serumproteinsystemen die Zurückweisung der Nullhypothese: Der statistisch signifikante Unterschied zwischen den beiden Stichproben kommt damit deutlich zur Geltung.

- 2) die Allelfrequenzen in den *Dörfern* zeigen überwiegend grosse lokale Schwankungen, die als Folge von familiären Häufungen in den einzelnen "Mendelpopulationen" betrachtet werden. Es wird daher kein genetisches Gefälle entlang den Tälern festgestellt.
- 3) Die drei Regionen distanzieren sich bezüglich des Erbanlagenbestandes von einer Walliser-(Rhonetal) bzw. gesamtschweizerischen Stichprobe statistisch signifikant.
- 4) Die Cluster-Analyse hebt die besondere Stellung von Saas Fee, St. Niklaus und Zermatt innerhalb der untersuchten Gemeinden hervor.

V. DISKUSSION

1. INTRAREGIONALER BEVOELKERUNGSVERGLEICH

In Kapitel IV wurde die genetische Struktur des Untersuchungsgebietes geschildert. Es konnten einerseits der statistisch signifikante Unterschied zwischen Visptal, Mattertal und Saastal, andererseits die irreguläre Verteilung der Allelfrequenzen in den Tälern festgestellt werden. Wir werden nun versuchen, diese Befunde durch verschiedenartige Interpretationsmöglichkeiten zu überprüfen.

1.1. Berechnung der genetischen Distanzen

Obwohl sich die Verfasserin der schwachen Aussagekraft der erhaltenen Werte wegen ungenügender Probandenzahl bei einigen Gemeinden bewusst ist, wurde dennoch versucht, aufgrund der Allelfrequenzen und mit Hilfe eines Computerprogrammes die genetischen Distanzen zwischen den Dörfern zu berechnen (siehe Tab. 9).

Die niedrigsten Werte (d.h. die geringsten genetischen Unterschiede im Genpool) finden wir innerhalb der gesamten Stichprobe und im Visptal zwischen Visperterminen und Stalden (0.23), im Mattertal zwischen St. Niklaus und Zermatt (0.26), im Saastal zwischen Saas Grund und Saas Balen (0.33).

EM	GR	RA	TA	ST	ZE	SN	SR	SB	SA	EI	SF	SG	VT	
EM	x													
GR	0.53	x												
RA	0.33	0.51	x											
TA	0.47	0.50	0.37	x										
ST	0.37	0.38	0.33	0.35	x									
ZE	0.42	0.35	0.35	0.42	0.28	x								
SN	0.39	0.47	0.34	0.44	0.29	0.26	x							
SR	0.56	0.51	0.49	0.46	0.39	0.46	0.50	x						
SB	0.47	0.50	0.39	0.50	0.40	0.41	0.39	0.43	x					
SA	0.57	0.48	0.45	0.51	0.50	0.42	0.56	0.55	0.46	x				
EI	0.49	0.53	0.48	0.51	0.41	0.42	0.47	0.41	0.37	0.50	x			
SF	0.50	0.40	0.38	0.39	0.26	0.38	0.38	0.40	0.42	0.49	0.45	x		
SG	0.45	0.51	0.44	0.43	0.37	0.41	0.44	0.47	0.33	0.58	0.40	0.39	x	
VT	0.46	0.47	0.45	0.46	0.23	0.28	0.28	0.52	0.48	0.59	0.48	0.38	0.46	x

Tab. 9: Genetische Distanzen zwischen den Gemeinden (PREVOSTI-Distanzen, Similarity coefficients). Abkürzungen: EI=Eisten, EM=Embd, GR=Grächen, RA=Randa, SA=Saas Almagell, SB=Saas Balen, SF=Saas Fee, SG=Saas Grund, SN=St. Niklaus, ST=Stalden SR=Staldenried, TA=Täsch, VT=Visperterminen, ZE=Zermatt.

Saas Almagell und Visperterminen (0.59) in den Vispertälern, Visperterminen und Staldenried (0.52) im Visptal, Embd und Grächen (0.52) im Mattertal und schliesslich Saas Almagell und Saas Grund (0.58) im Saastal weisen hingegen die höchsten Werte (d.h. die grössten Unterschiede im Erbanlagenbestand) auf.

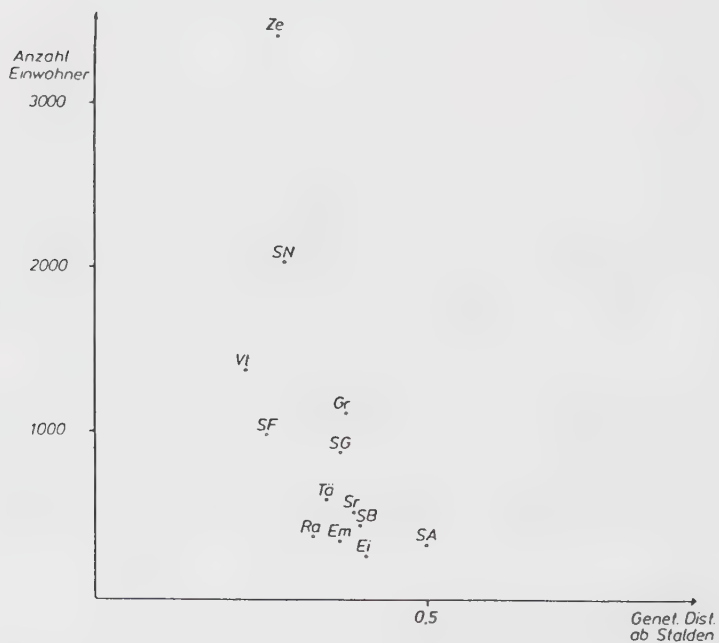
Während zum Beispiel die topographische Lage als Ursache der grossen genetischen Distanz zwischen Embd und Grächen vorgeschlagen werden kann, scheint dies für den Fall Saas Almagell/Saas Grund nicht zutreffend zu sein; demgegenüber kommen zur Erklärung des niedrigen Abstandes zwischen St. Niklaus und Zermatt oder Stalden und Visperterminen eher wirtschaftliche Faktoren in Betracht.

Die Befunde widerspiegeln also vermutlich die Konsequenzen verschiedenartiger Einwirkungen auf den Erbanlagenbestand der betroffenen Fortpflanzungsgemeinschaften; einige davon werden bei der Interpretation der Ergebnisse der Cluster-Analyse unter V.2.3. detaillierter auseinandergesetzt.

Die Abb. 17 zeigt eine graphische Darstellung der erhaltenen Werte: Die genetische Distanz der einzelnen Gemeinden ab Stalden (als gemeinsame, "neutrale" Bezugsregion) wurde als Funktion der Populationsgrösse aufgetragen. Es wird daraus ersichtlich, wie sich die Dörfer des Mattertales und des Saastales auf zwei getrennte "pools" verteilen: Letztere zeigen eine höhere Distanz ab Stalden.

Dieses Ergebnis liesse eine grössere Homogenität zwischen den Saastaldörfern vermuten, die auf engere Beziehungen innerhalb der Bevölkerung jedes Dorfes und gleichzeitig auf eine reduzierte Zufuhr von "fremden"

Abb.17: Genetische Distanz der einzelnen Stichproben ab Stalden.



Genen in den Genpool zurückgeführt werden könnte.

Der mit dem χ^2 -Test geprüfte, statistisch signifikante Unterschied zwischen den Bevölkerungen des Matter- und Saastales wäre also auch bei der Betrachtung der genetischen Distanz feststellbar. Darüber hinaus legt dieser Befund die Vermutung nahe, dass die genetischen Eigenschaften der beiden Hauptpopulationen langfristig relativ unabhängig zustande gekommen sind: Das Ausmass des Genaustausches zwischen den Bevölkerungen wäre also bescheiden gewesen.

1.2. Historisch-demographische Interpretation der Befunde

Nur durch die historisch-demographische Untersuchung können wir nun die zuletzt formulierten Schlussfolgerungen überprüfen. Zu diesem Zweck werden die erfassten Allel-Varianten (u.a. GC*C1 und C3*F0.5) als genealogische "Detektoren" eingesetzt, um uns den plausibelsten Weg in den Stammbaumlinien zu weisen.

a) Verteilung des GC C1-Allels

Die Strukturvariante GC*C1 wurde bei 28 Individuen entdeckt: 15 wohnen im Saastal, 10 im Mattertal, 3 im Visptal. Mit Hilfe weit zurückgehender historischer Dokumente sowie durch persönliche Mitteilungen konnte die familiäre Geschichte jedes Allelträgers rekonstruiert werden.

Die Aufstellung der Stammbäume brachte folgende Ergebnisse:

Saastal:

Die Probanden kommen aus 3 Gemeinden des Tales, nämlich aus Saas Balen (1), Saas Fee (3) und Saas Grund (11, einer ist nicht Bürger von den Vispertälern). 14 konnten als Nachfolger von 2 Familien nachgewiesen werden, die Mitte des 17. Jahrhunderts in Saas Grund ansässig waren; der engste Verwandschaftsgrad zwischen Ehepartnern in dem Stammbaum wurde bei 2 Individuen gefunden, deren Grossväter Brüder gewesen sind (siehe Abb. 18). In den 2 anderen Gemeinden des Tales (Saas Almagell und Eisten) wurden keine Varianten-Träger entdeckt.

Mattertal:

Die 8 GC*C1 Varianten-Träger im Mattertal sind in Randa (4), Täsch (4, einer ist nicht Bürger der Vispertäler) und Zermatt (1) ansässig; 7 davon haben sich als Nachfolger eines am Anfang des 19. Jahrhunderts in Täsch wohnhaften Ehepaares erwiesen (siehe Abb. 19). Die Eingliederung des Individuums aus Zermatt in den aufgestellten Stammbaum kann nur indirekt belegt werden. Die Herkunft des betroffenen Geschlechtes aus Täsch ist nämlich auf Grund von historischen Dokumenten in Zermatt zu suchen: Es wird eben dort ein Mann erwähnt, der Mitte des 18. Jahrhunderts nach Täsch auswanderte. Seine Geschwister blieben im Heimatdorf, und als eine ihrer Nachfolgerinnen finden wir die Ur-Ur-Grossmutter des einzigen GC C1 Allel-tragenden Individuums in Zermatt. Eine Beziehung zwischen dem eingewanderten Mann und der Familie in Täsch kann nicht bewiesen werden; die Vermutung einer Verwandschaft scheint immerhin plausibel zu sein. Der Proband aus St. Niklaus kann dem "gemeinsamen" Stammbaum nicht zugeordnet werden, weil die erfassbaren Daten über seine familiäre Geschichte nicht vollständig sind; eine diesbezügliche Interpretation dieses

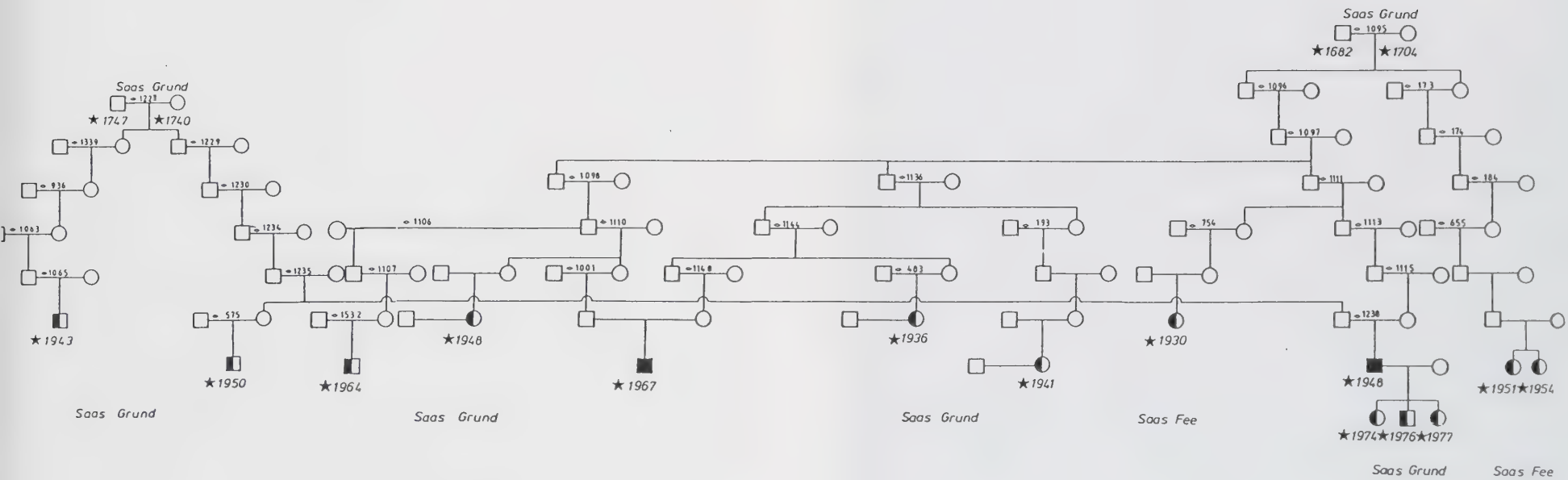


Abb.18: Familiäre Verteilung des Allels GC*1C1 in der Stichprobe aus dem Saastal.

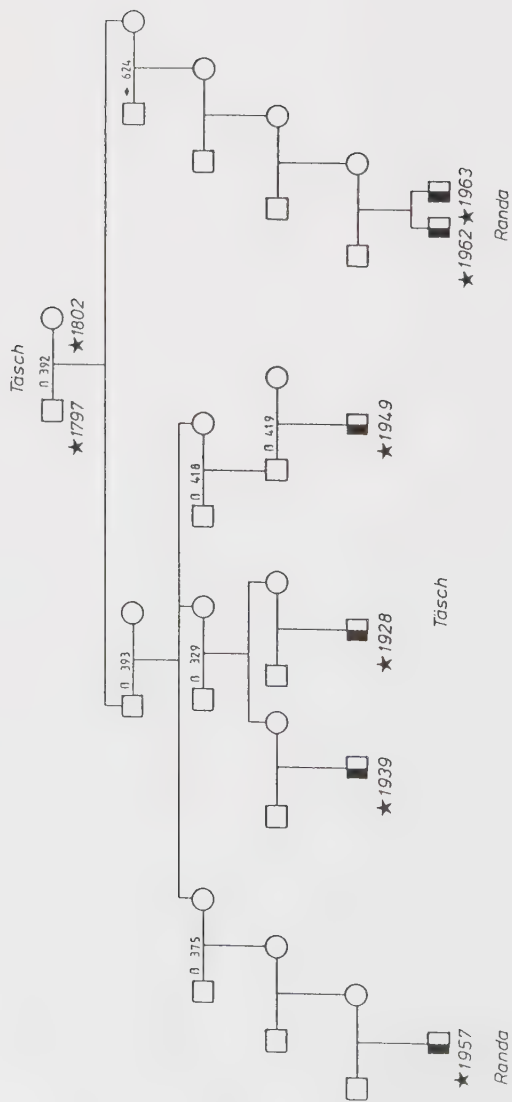


Abb. 19: Familiäre Verteilung des Allels GC*1C1 in der Stichprobe aus dem Visptal.

Befundes wäre zu willkürlich.

Visptal:

Es wurden in Stalden 3 GC*C1-Allel tragende Individuen gefunden, die miteinander (über die Grosseltern) verwandt sind. Auf Grund des vorher beschriebenen aufgestellten Stammbaumes ist eine familiäre Verbindung zum Saastal zwar nicht belegbar, aber naheliegend.

Schlussfolgerungen:

Es wurde die Verteilung des Allels GC*C1 in den Vispertälern untersucht. Auf Grund der aufgestellten Stammbäume ist ein Austausch von genetischer Information zwischen Saastal und Mattertal nicht nachweisbar. Die betroffene Strukturvariante wäre demnach unabhängig in den beiden Tälern entstanden und hätte sich innerhalb jedes Tales ausgebreitet.

Die familiäre Verflechtung im *Tal* ist nicht relevant; sie verbindet nur 2 bzw. 3 nahe beisammen liegende Gemeinden:

Wir haben es also mit lokalen Anhäufungen des Allels im "Herkunftsort" oder in dessen nächster Umgebung zu tun.

Das Vorkommen der Variante im Visptal darf wohl als Folge einer Migration aus dem Saastal interpretiert werden, dies ist aber nicht eindeutig dokumentierbar.

b) Verteilung des C3 F0.5-Allels

Saastal:

Es wurden im Saastal 11 C3 F0.5-Varianten-Träger entdeckt. Alle Gemeinden des Tales sind dabei repräsentiert: Eisten (1), Saas Balen (2), Saas Grund (3), Saas Fee (3) und Saas Almagell (2). Die 11 Individuen können einem gemeinsamen Stammbaum zugeordnet werden: Der "Stammvater" lebte am Ende des 17. Jahrhunderts in Saas Balen (siehe Abb.20).

Mattertal:

Die Strukturvariante C3 F0.5 wurde in der Sichprobe aus dem Mattertal nicht entdeckt.

Visptal:

Die C3 F0.5 Variante kommt in Stalden (2), Staldenried (1), Visp (1) und Visperterminen (1) vor. Die 3 Individuen aus Stalden bzw. Staldenried konnten dem "Saastal-Stammbaum" zugeordnet werden (siehe Abb. 20). Die Rekonstruktion der familiären Geschichte der 2 Probanden aus Visp bzw. Visperterminen, basierend lediglich auf mündlichen Mitteilungen, liess keine Beziehungen zu den übrigen Trägern der C3 F0.5-Variante erkennen.

Schlussfolgerungen:

Den Trägern der C3 F0.5-Variante konnte ein gemeinsames Vorfahren-Ehepaar zugeschrieben werden.

Als Herkunftsort wird ein Dorf im Saastal (Saas Balen) erkannt, von wo sich das Allel nach allen Gemeinden des Tales und nach dem Visptal ausgebreitet hat.

In diesem Fall kommt also die familiäre Verflechtung innerhalb des Tales

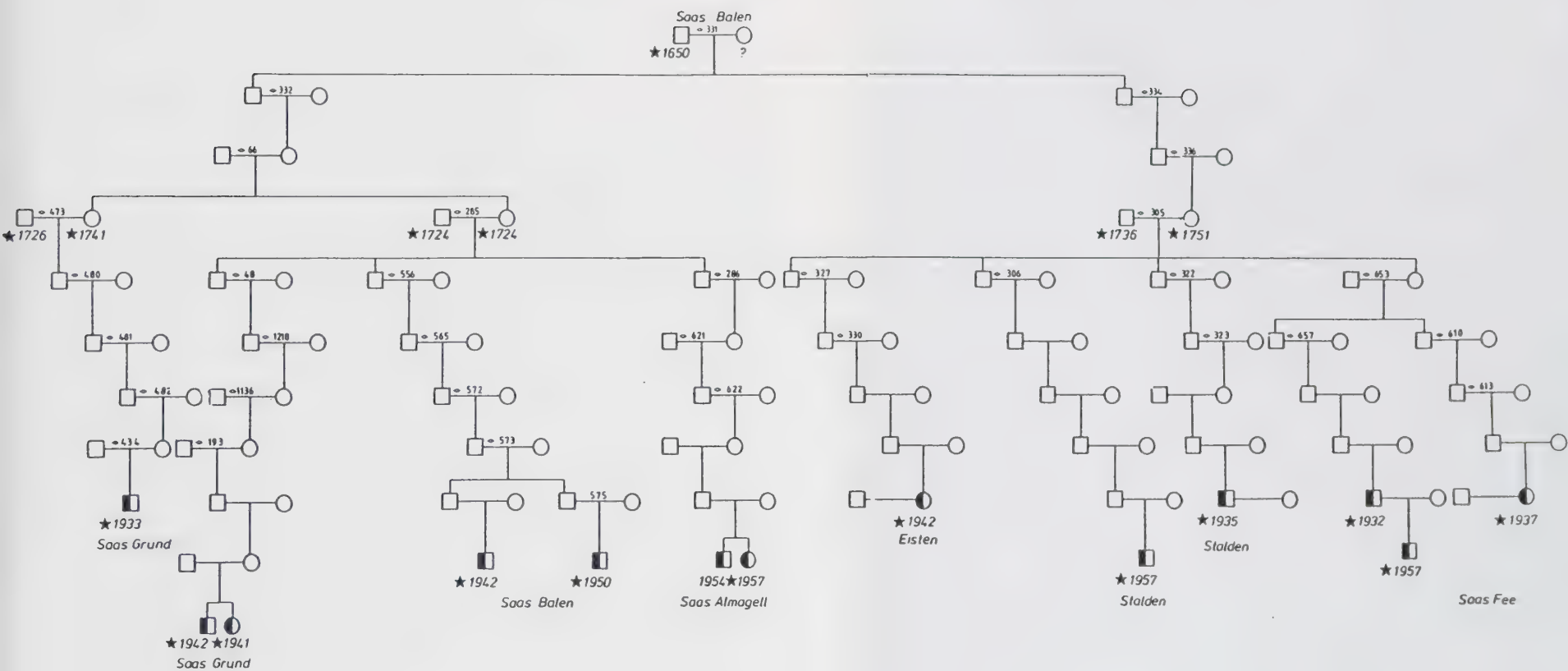


Abb.20: Familiäre Verteilung des Allels C3*F0.5 in den Stichproben aus dem Saastal und Visptal.

deutlich zur Geltung. Darüber hinaus wird (wie es schon bei der GC C1-Variante der Fall war) aufgrund unseres genealogischen Materials kein Genaustausch zwischen Saastal und Mattertal nachgewiesen.

c) Zusammenfassung

Die Verknüpfung demographischer- und hämogenetischer Daten (obwohl nur auf die Verbreitung von 3 Allelen bezogen) lieferte nützliche Anhaltspunkte zur Interpretation der Befunde. Es wurden zunächst Hinweise auf die Unabhängigkeit der Entwicklung der genetischen Struktur im Saastal und Mattertal gewonnen, weil bei der Aufstellung dieser Stammbäume keine familiären Beziehungen zwischen den Tälern auftauchten.

Darüber hinaus zeigte die Untersuchung der Allele GC*C1 und C3*F0.5 in den Vispertälern zwei unterschiedliche Modelle:

- Beim GC*C1 geht es um ein genetisches Merkmal, das in einem Dorf erschienen ist und heute noch nur in dem gleichen Dorf und dessen unmittelbarer Umgebung lokalisierbar ist.
- Im C3*F0.5 finden wir das Beispiel eines Allels, das sich von einem einzigen Dorf ausgehend in allen Gemeinden des Tales sowie ausserhalb des Tales ausbreiten konnte.

1.3. Verteilung der Allelfrequenzen: Familiäre Aufklärung

Aus den im Kapitel IV zusammengefassten Befunden wurde unter anderem ersichtlich, dass sich die Allelfrequenzen innerhalb des Untersuchungsgebietes irregulär verteilen: Es fanden sich starke lokale Schwankungen, die familiären Anhäufungen in den Dörfern zugeschrieben wurden. Auf Grund einiger Beispiele wird hier versucht, diesen Interpretationsvorschlag genealogisch zu belegen.

Beispiel 1: Allel BF F in Grächen

Die Typisierung des BF in Grächen erfasste 11 Individuen, die das Allel BF F (im homozygoten oder heterozygoten Zustand) tragen. Es gelang, 10 von ihnen als Nachfolger von einem einzigen Ehepaar darzustellen. Durch den vorteilhaften Umstand, auch Homozygote unter den 11 Einwohnern zu haben, konnte der Stammbaum auf einer sicheren Basis aufgestellt werden: Die Hypothese der familiären Anhäufung wurde damit hinreichend plausibel belegt (siehe Abb. 21).

Beispiel 2: Allel 6-PGD B in Saas Almagell

Das Allel 6-PGD B zeigt in Saas Almagell eine Frequenz von 0.1786, die sich von dem gesamtschweizerischen-Wert (0.0290) sowie von den weiteren Werten aus den Vispertäler-Dörfern deutlich distanziert. Obwohl die Stichprobe aus diesem Dorf (14 Individuen) zahlenmässig unbefriedigend ist und eine gewisse Behutsamkeit bei der Beurteilung der Resultate verlangt, wurde versucht, die Anhäufung des genannten Allels genealogisch aufzuklären (siehe Abb. 22). 4 von den 5 Trägern des 6-PGD B Allels konnten auf gemeinsame Vorfahren zurückgeführt werden (die 5. Person stammt aus dem Kanton Aargau).

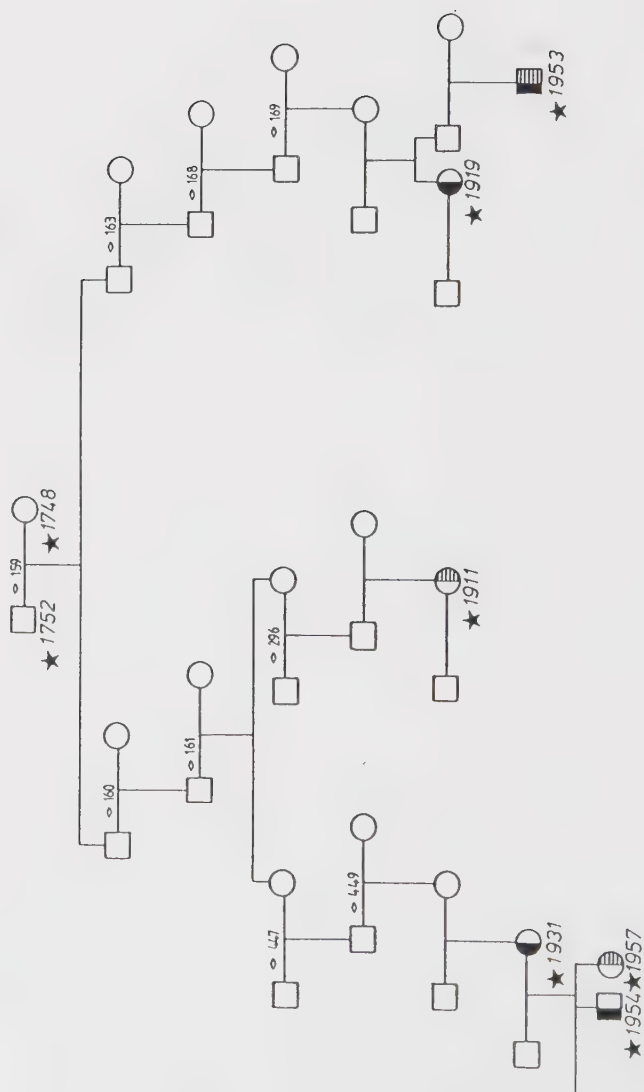


Abb.22: Familiäre Verteilung der Allele 6-PGD*B ● bzw. AMY-2*2 ⊖ in Saas Almagell.

Beispiel 3: Allel Amylase-2 2 in Saas Almagell

Saas Almagell zeigt auch bezüglich der Frequenz des Amylase-2 2 Allels einen auffallend hohen Wert (0.1429). Trotz des bereits erwähnten Vorbehaltes in bezug auf die Zusammensetzung der Stichprobe wurden die familiären Beziehungen zwischen den Allel-Trägern untersucht.

Auch in diesem Falle konnte für die 4 Probanden ein gemeinsames Vorfahren-Ehepaar gefunden werden (siehe Abb. 22). Die Loci für die AMY-2 und 6-PGD bilden eine syntänische Kopplungsgruppe auf dem Chromosom 1. In beiden hämogenetischen Systemen wurden statistisch signifikante Unterschiede gefunden im Bevölkerungsvergleich des Saastales mit dem Mattertal. Diese Unterschiede lassen sich nun auch vor dem Hintergrund der chromosomalen Frage betrachten, d.h. wir haben diese Unterschiede offenbar auf die familiär bedingte Anhäufung des Chromosoms Nr. 1 von der Ausstattung (Haplotyp) 6-PGD*B - AMY-2*2 in Saas Almagell zurückzuführen.

Beispiel 4: Allel GC 1S in St. Niklaus

Die Aufklärung der erhöhten Häufigkeit des GC 1S Allels in St. Niklaus war eine reizvolle Aufgabe, da die Verwandschaften im Dorf vom 17. Jahrhundert bis 1970 sehr gut dokumentiert sind. Die Hypothese der familiären Anhäufung als Ursache für die hohe Allelfrequenz scheint auch in diesem Fall genealogisch belegbar zu sein (siehe Abb.23 I-II-III-IV). Es wurden nämlich 5 Ehepaare (A, B, C, D, E) als Vorfahren von 52 unter den 67 GC S Allel-Trägern entdeckt; die Verflechtung zwischen den Angehörigen der 5 "Stämme" ist überaus dicht, so dass neben dem aufgestellten Stammbaum sogar noch mehrere weitere, ganz ähnliche Rekonstruktionsmöglichkeiten bestehen.

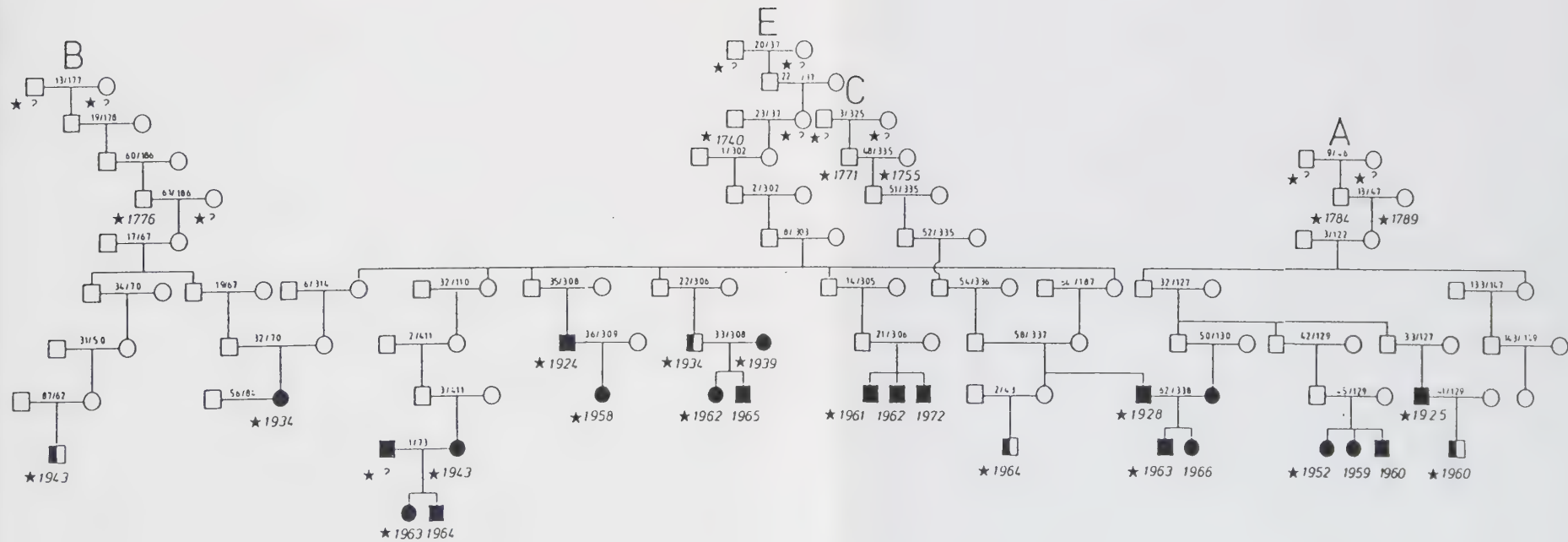


Abb.23 I: Familiäre Verteilung des Allels GC*1S in St. Niklaus.

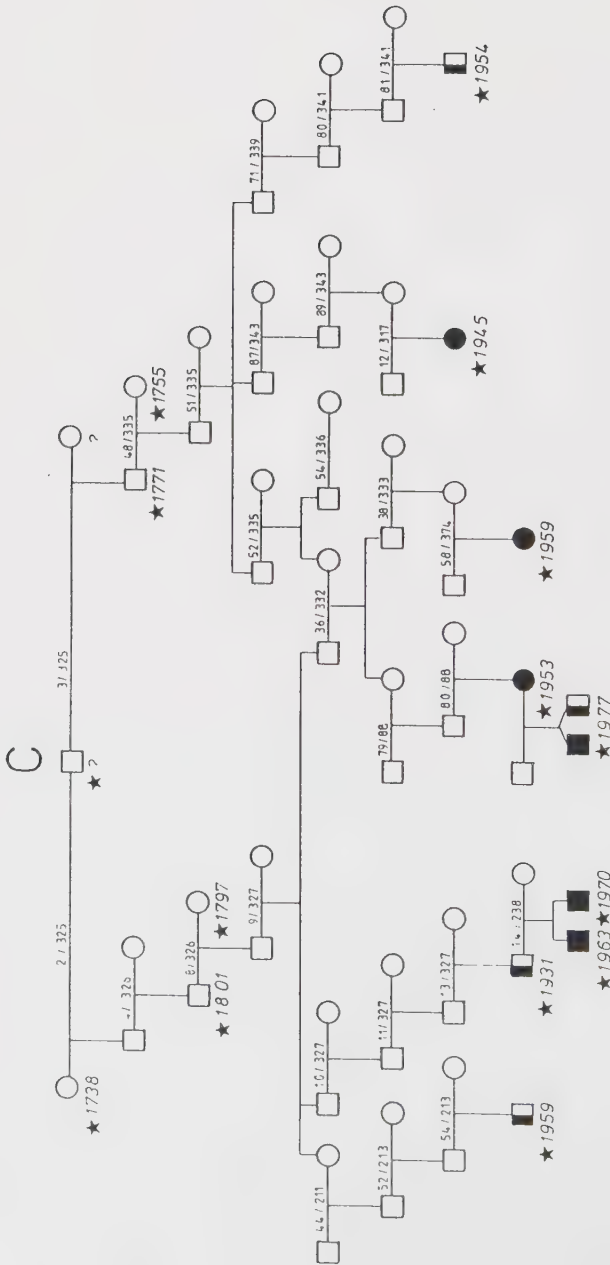


Abb. 23 11: Familiäre Verteilung des Allels GC*1S in St. Niklaus.

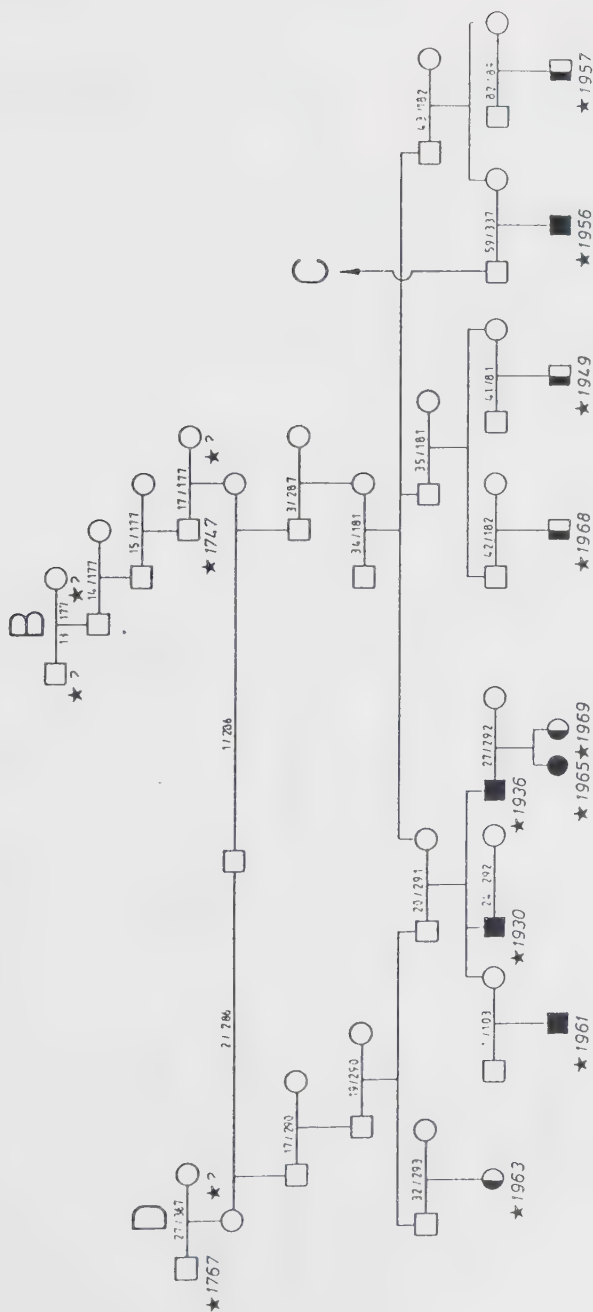


Abb. 23 III: Familiäre Verteilung des Allels GC*1S in St. Nikolaus

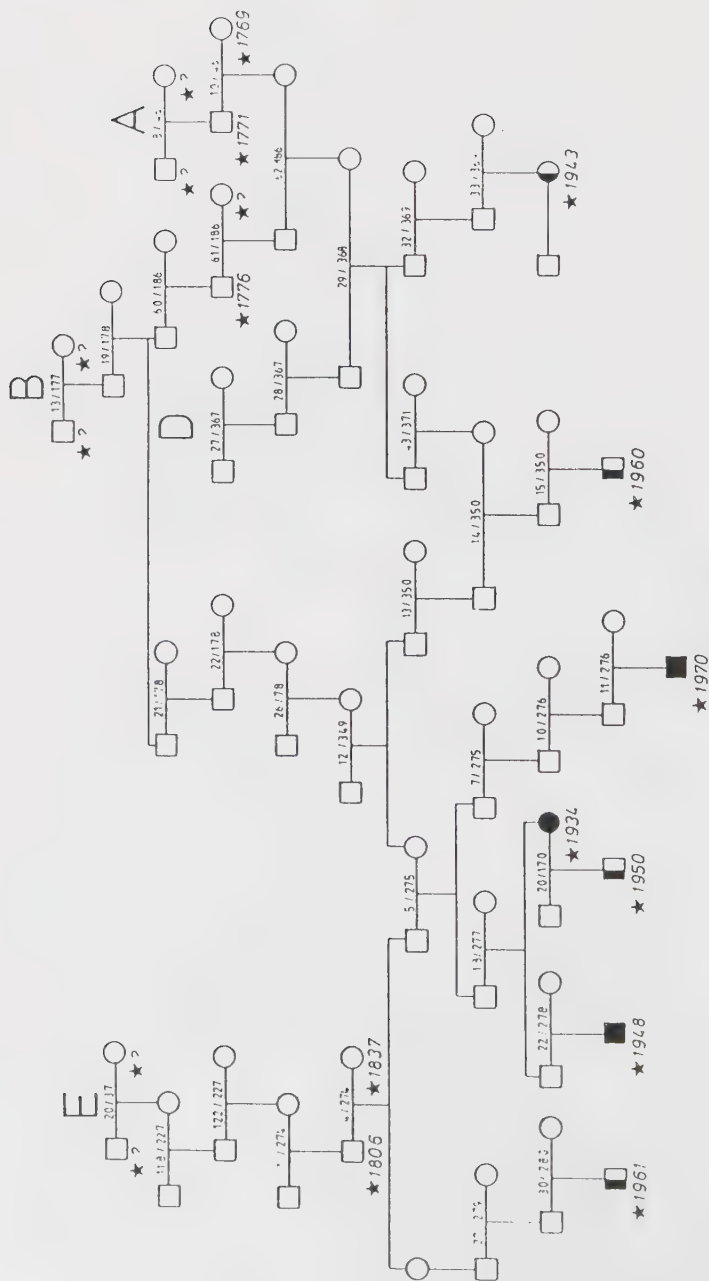


Abb. 23 IV: Familiäre Verteilung des Allels GC*1S in St. Niklaus.

2. INTERREGIONALER VERGLEICH

Die Bevölkerungen der drei untersuchten Regionen zeigen statistisch signifikante Unterschiede in ihrem Erbanlagenbestand gegenüber einer gesamtschweizerischen bzw. Walliser (Rhonetal-) Stichprobe (siehe 4.2.a). Die Sonderstellung des Untersuchungsgebietes wird hier nun näher betrachtet.

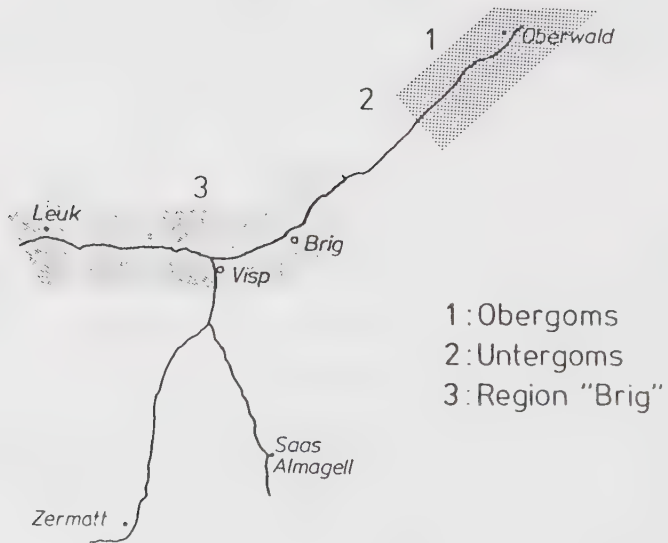
2.1. Berechnung der genetischen Distanz

Zur Eingliederung der Bevölkerung der Vispertäler in die genetische Struktur des Kantons Wallis (insbesondere des "Oberwallis"), wurde auch die Berechnung der genetischen Distanz eingesetzt.

Als Walliser Vergleichsdaten wurden die von Mitarbeitern des Anthropologischen Institutes der Universität Zürich untersuchten Stichproben aus dem Obergoms und Untergoms (KRATZER, 1983), sowie aus der Region von Brig (MARKS, 1983) herangezogen (siehe Abb. 24). Auch eine gesamtschweizerische Stichprobe (siehe SCHEFFRAHN, 1983a) wurde in den Vergleich miteinbezogen. Die daraus resultierenden Werte sind in der Tabelle 10 zusammengefasst.

Es sei zunächst der Vergleich mit der gesamtschweizerischen Stichprobe betrachtet. Die Resultate bestätigen die mit der Anwendung des χ^2 -Tests gelieferten Hinweise: Die Stichprobe "Visptal" zeigt nämlich die geringste Differenz in der Komposition des Erbanlagenbestandes (0.44); das "Mattertal" (0.62) und das "Saastal" (0.64) zeigen deutlich höhere Werte.

Abb.24: Geographische Lage der betrachteten Walliser Stichproben.



	OG	UG	BR	VT	ST	MT	CH
OG	x						
UG	0.53	x					
BR	0.47	0.26	x				
VT	0.71	0.57	0.46	x			
ST	0.83	0.60	0.56	0.55	x		
MT	0.64	0.60	0.53	0.46	0.62	x	
CH	0.61	0.51	0.49	0.44	0.64	0.62	x

Tab.10: Genetische Distanzen zwischen den Vispertälern, einer gesamtschweizerischen Stichprobe und drei Stichproben aus dem Rhonetal. (PREVOSTI-Distances, Similarity coefficients). Abkürzungen: OG=Obergoms, UG=Untergoms, BR="Region Brig", VT=Visptal, ST=Saastal, MT=Mattertal, CH=gesamtschw. Stichprobe

Die Berechnung der genetischen Distanz zwischen den Bevölkerungen aus dem Untersuchungsgebiet und denjenigen aus der Region "Brig", Obergoms und Untergoms führt zu einem interessanten Ergebnis: Es kann nämlich ein Gefälle entlang des Rhonetals festgestellt werden, und zwar von Osten her in Richtung auf die Vispertäler (Obergoms>Untergoms>"Brig"; siehe Abb. 25).

Besonders auffallend ist die grosse Distanz zwischen der Bevölkerung der Vispertäler und derjenigen aus dem Obergoms, die auf einen stark beschränkten Genaustausch zwischen den betroffenen Populationen schliessen lässt. Die wirtschaftlich bedingten Binnenwanderungen aus den nächsten Nachbargebieten nach Brig und Visp haben wahrscheinlich zu einer Vermischung der Bevölkerungen und damit zur Ausbildung des erfassten Gefälles wesentlich beigetragen.

Innerhalb des Untersuchungsgebietes kommen die schon früher (Kapitel IV.1.4) gezeigten Verhältnisse wieder zum Vorschein (siehe Abb.25): Kleinere genetische Distanz zwischen den Stichproben aus dem Mattertal und Visptal gegenüber einem deutlichen Unterschied im Genpool zwischen Mattertal und Saastal.

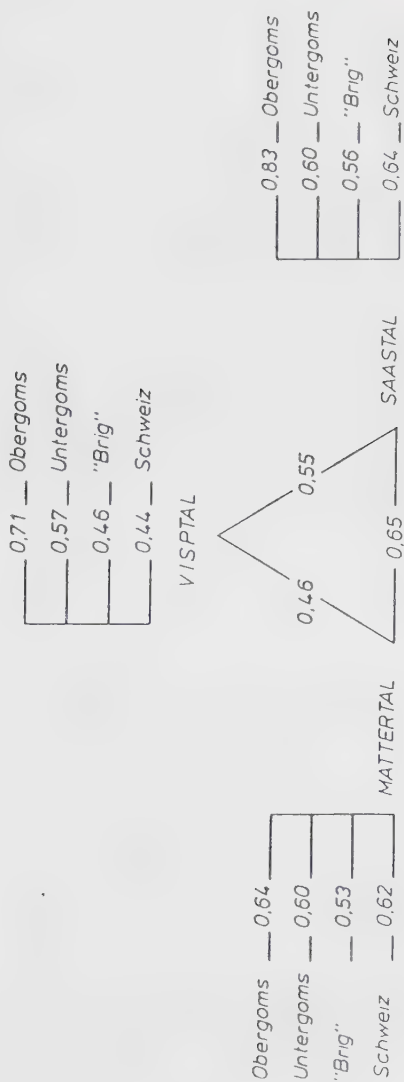


Abb. 25: Genetische Distanz zwischen den Stichproben aus den Vispertälern und Obergoms, Untergoms, "Brig", "Schweiz".

2.2. Berechnung der Heterozygotierate

Trotz der zu diesem Zweck relativ kleinen Anzahl untersuchter Systeme und des nicht überall optimalen Stichprobenumfangs wurde die Berechnung der Heterozygotierate (AYALA, 1982) vorgenommen: Es konnten auch daraus nützliche Hinweise zur Beurteilung der Befunde gewonnen werden.

Die Resultate sind in der Tab.11 dargestellt. Der Wert für die gesamtschweizerische Stichprobe wurde aus in der Literatur vorhandenen Daten über die Allelfrequenzen der 13 in unserem Arbeitsprogramm enthaltenen elektrophoretischen Systeme errechnet.

Region	Heterozygotierate
Visptal	28.15
Mattertal	28.54
Saastal	25.18
Schweiz	32.42

Tab. 11: Berechnete Heterozygotierate in den untersuchten Tälern und in der gesamtschweizerischen Stichprobe.

Die Bevölkerungen der drei *Täler* zeigen Heterozygotieraten, die der Erwartung entsprechen: Sowohl die populationsgenetische Befundsituation als auch die statistisch-demographische Analyse zeigen, dass der Durchmischungsgrad im Visp- und Mattertal höher ist als im Saastal; danach ist also auch verständlich, dass die Heterozygotierate im Visp- und im Mattertal höher ist als im Saastal und der noch stärker durchmischten Vergleichsbevölkerung "Gesamtschweiz" nähersteht.

Es wurde danach zu einer reizvollen Aufgabe, die Heterozygotierate in den *einzelnen Dörfern* zu berechnen: Die Aussagekraft der erhaltenen Werte scheint aber bei einigen Gemeinden von der ungenügenden Anzahl der Probanden stark beeinflusst zu sein, so dass auf eine Verwertung der Resultate verzichtet wurde.

2.3. Die Sonderstellung von St. Niklaus, Zermatt und Saas Fee

Durch die Cluster-Analyse wurde die besondere Stellung einiger Gemeinden deutlich zur Geltung gebracht. Der Vorschlag einer sozio-ökonomischen Interpretation der Resultate in Saas Fee, St. Niklaus und Zermatt wird hier unterbreitet und mit genealogisch-demographischen Untersuchungen belegt.

Eine Frage geht zunächst aus der Betrachtung der Cluster-Analyse hervor: Haben vielleicht die drei Gemeinden etwas gemeinsam, was zu diesen ähnlichen Resultaten beiträgt? Die Einwohneranzahl liefert uns die erste positive Antwort darauf: Es geht dabei um die am stärksten bevölkerten Ortschaften des Matter- bzw. Saastales (s. Tab. 1).

Weiter handelt es sich um drei Gemeinden, die, sich dem Wandel der Zeiten anpassend, in den letzten Jahren grundlegende Umstrukturierungen im sozialen und wirtschaftlichen Bereich erfahren haben, v.a. durch die Schaffung von Arbeitsplätzen in den Wirtschaftssektoren II und III. Der Bau einer Fabrik in St. Niklaus einerseits und die explosive Entwicklung des Gastgewerbes in Zermatt und Saas Fee andererseits sind als Hauptfaktoren im Rahmen dieser Politik in Betracht zu ziehen. Die Verbesserung der Lebensqualität in einer Gemeinde verursacht bekanntlich eine Abnahme der Auswanderungen, eine Zunahme der Geburten, und eine Steigerung des Immigrationsflusses. Die Folgen davon können wir bei der Betrachtung der genetischen Struktur der "neuen" Bevölkerung wiederfinden.

Es wird deshalb die folgende Hypothese formuliert:

Die Sonderstellung von Saas Fee, St. Niklaus und Zermatt, die wir auf Grund der durchgeführten hämogenetischen Untersuchungen aufzeigen kann-

ten, ist die Folge solcher sozio-ökonomischen Aenderungen:

Der wirtschaftlich bedingte Migrationsfluss in die Gemeinden *hat auf den Genpool eingewirkt, so dass die historisch bedingte genetische Struktur in eine heterogenere und weniger ortsspezifische umgewandelt worden ist.*

Nur die Antwort auf die zwei folgenden Fragen kann zur Ueberprüfung der formulierten Hypothese beitragen:

- a) Ist der angenommene Entwicklungsprozess durch statistisch-demographische Daten belegbar?
- b) Handelt es sich überhaupt bei den von uns untersuchten Individuen um eine repräsentative Stichprobe der "statistischen Bevölkerung"?

a) Statistische Daten zur Bevölkerung und Erwerbstätigkeit (ESTA).

Die Abb. 1, 2 und 3 (siehe Anhang D) zeigen die Bevölkerungsentwicklung in den Vispertälern seit 1850: Der Anstieg bei Saas Fee, St. Niklaus und Zermatt wird daraus ersichtlich und ist auf Geburtenüberschuss einerseits, sowie auf Migrationsgewinn andererseits zurückzuführen.

Die Abb. 4, 5 und 6 (siehe Anhang D) stellen die Einteilung der Dorfbevölkerung in Altersklassen in der Zeitperiode von 1941 bis 1980 dar. Die Geburtenrate verzeichnet tatsächlich einen konstanten Anstieg ab 1950 bis 1970 (siehe Altersklasse 0-14) in Zermatt und Saas Fee; St. Niklaus zeigt eine erhebliche Zunahme zwischen 1950 und 1960, dann sinkt die Anzahl der Geburten konstant bis heute ab.

Die Betrachtung des Anteiles der in der Gemeinde wohnenden Schweizer Bürger aus anderen Gemeinden des Kantons sowie aus anderen Kantonen ist

daneben für die richtige Interpretation des Bevölkerungszuwachses unentbehrlich. Zermatt zeigt einen konstanten Anstieg der Anzahl Bürger aus anderen Kantonen seit 1930, wie sie ähnlich auch Saas Fee zeigt (abgesehen von einem leichten Absinken zwischen 1941 und 1950); in St. Niklaus folgt der Steigerung von 0% bis 12% (1940-1960) eine drastische Abnahme bis auf 3% im Jahre 1970. Die Anzahl der Bürger aus anderen Gemeinden des Kantons zeigt wiederum für Zermatt und Saas Fee einen ununterbrochenen Anstieg, der auch bei St. Niklaus ab 1940 bemerkbar ist.

Während für Saas Fee und Zermatt die Entwicklung des Gastgewerbes und die daraus folgende Beschäftigungsmöglichkeiten als Ursache des ständigen und relevanten Migrationsflusses gesehen wird, scheint in St. Niklaus die Eröffnung der Filiale einer Solothurnischen Firma im Jahre 1946 (KRAPP & KUNZ, 1955) den Anlass zu diesem Phänomen gegeben zu haben. Diese Feststellungen werden mit Hilfe der Erwerbstätigkeitsstatistik geprüft.

Während die Anzahl der Berufstätigen im Wirtschaftssektor I (Land und Forstwirtschaft) bei allen Gemeinden der Vispertäler seit 1930 kontinuierlich abnimmt, zeigt die graphische Darstellung des Verlaufes des Wirtschaftssektors III (Handel, Verkehr, Gastgewerbe) im Saastal und im Mattertal die ständige Tendenz zur Zunahme der Anzahl der Beschäftigten (s. Abb.9 und 10, Anhang D). Bezüglich des Sektors II (Industrie, Handwerk, Baugewerbe) scheinen die Dörfer beider Täler einen gemeinsamen, periodischen An- und Abstieg erlebt zu haben: Der in der ganzen Schweiz erlebte Konjunkturboom der 60'er Jahre widerspiegelt sich in der Anzahl Berufstätiger zwischen 1950 und 1960; in den nächsten 10 Jahren scheint stattdessen das Gastgewerbe die führende Rolle in der Oekonomie des Tales übernommen zu haben (siehe Abb. 7 und 8, Anhang D).

Zusammenfassend scheinen diese statistischen Angaben über die Bevölkerung und die Erwerbstätigkeit in den betrachteten Gemeinden Saas Fee, St. Niklaus und Zermatt eine positive Antwort auf die ursprünglich gestellte Frage a) zuzulassen.

b) Ueberprüfung der Anwendbarkeit der statistischen Daten

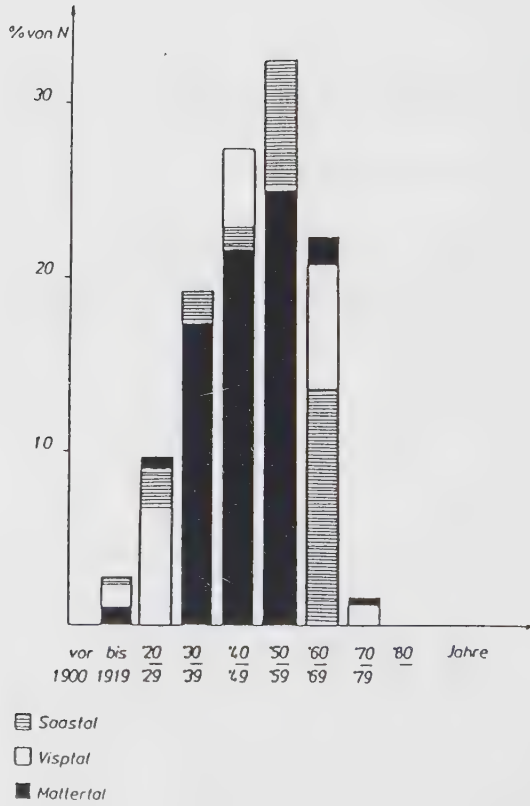
Bei der Beantwortung der Frage a) muss jedoch ein wichtiger Einwand berücksichtigt werden: Bei der Verwendung der Angabe des Eidgenössischen Statistischen Jahrbuches darf nämlich der grundlegende Unterschied zwischen der *statistischen* und der *reellen* Bevölkerung (d.h. der Stichprobe) nicht übersehen werden. Wir müssen also versuchen festzustellen, inwieweit die Benutzung der "offiziellen" statistischen Daten zur Ueberprüfung unserer Hypothese gerechtfertigt ist.

1) Indirekter Beweis:

Die Unterteilung der untersuchten Individuen nach Jahrgang-Klassen kann uns trotz der relativ kleinen Anzahl Probanden pro Dorf nützliche Hinweise liefern. Es seien zunächst die Verhältnisse in den drei Tälern betrachtet (siehe Abb. 26). Bis zur Jahrgang-Klasse 1930-1939 ist eine auffallende Uebereinstimmung zu bemerken; das Vispatal zeigt dann den höchsten Wert für die Periode 1940-1949. Im Mättental sind die 26-35jährigen (1950- 1959) am häufigsten vertreten, gefolgt von den 16-25jährigen (1960-1969); das gleiche gilt für das Saastal.

Wie sehen die Verhältnisse in Saas Fee, St. Niklaus und Zermatt aus?

Abb.26: Untersuchten Individuen nach Jahrgang-Klassen.



In den Stichproben der drei Gemeinden sind die Jahrgänge 1950 bis 1959 am meisten repräsentiert (38.0%, 28.2%, 29.3%).

Diese Befunde sollen nicht ohne Bedeutung für die Beurteilung der Resultate aus den hämogenetischen Untersuchungen bleiben: Auf Grund dieser Prozent-Werte können wir nämlich feststellen, dass wir es mit einer überwiegenden Anzahl Probanden zu tun haben, die zur Zeit des unter a) behandelten Entwicklungsprozesses geboren worden sind. Wir haben damit einen Hinweis auf die Anwendbarkeit der statistischen Angaben für unsere Stichprobe gewonnen.

2) Direkter Beweis:

Die Aufklärung der Herkunft der Probanden wird den entscheidenden Beitrag zur positiven Antwort auf die Frage b), S. 89, liefern. Zu diesem Zweck wurden mit Hilfe von Familienstatistik-Büchern einerseits und durch Einsichtnahme in die Unterlagen der einzelnen Zivilstandsämter andererseits die Stammbäume der untersuchten Individuen aufgestellt. Ich habe mich dabei gezielt auf die Ueberprüfung des Abstammungsortes der Eltern und Grosseltern beschränkt, weil nur die jüngste Geschichte der Erbanlagen in den betroffenen Familien für unsere Fragestellung von Bedeutung ist. In der Tabelle 11 sind die Resultate der Untersuchungen zusammengefasst.

	Wohnort	Vispert.	Wallis	Schweiz	Ausland
St. Niklaus	43.59	30.77	14.10	3.85	7.69
Zermatt	41.33	25.33	21.33	9.33	2.67
Saas Fee	45.83	22.92	19.79	11.45	0.00

Tab. 12: Herkunftsort der Probanden ausgedruckt als % von n.

Es wird ersichtlich, dass wir tatsächlich einen hohen Anteil an Nicht-Bürgern in den betroffenen Stichproben haben: 56.41% in St. Niklaus, 58.66% in Zermatt, 54.16% in Saas Fee.

Während die Gesamtzahl ziemlich ausgeglichen aussieht, zeigen die einzelnen Werte interessante Unterschiede: Der Genfluss aus dem Ausland ist nur in St. Niklaus und in Zermatt nachweisbar, Saas Fee zeigt dafür einen beträchtlichen Anteil an Bürgern aus den anderen Kantonen der Schweiz.

Der statistisch belegte, bemerkenswerte Anteil an Nicht-Bürgern in den betroffenen Gemeinden kann also auch in *unserer Stichprobe* nachgewiesen werden.

3) Schlussfolgerungen:

Auf Grund der unter 1 und 2 aufgezählten Argumente ist die Benützung der statistischen Daten zur Beurteilung der erfassten genetischen Eigenschaften der betroffenen Gemeinden gerechtfertigt. Die daraus folgende positive Antwort auf die gestellten Fragen a) und b) unterstützt die formulierte Hypothese.

VI. ZUSAMMENFASSUNG

Im Rahmen des Projektes "Hämogenetische und populationsgenetische Untersuchungen an Bevölkerungen des Wallis und der Walser Graubündens" wurden hämogenetische, demographische und genealogische Befunde im Visptal, Mattertal und Saastal ("Vispertäler", Kanton Wallis) erhoben. Blutproben von 883 Personen wurden mittels verschiedener Elektrophorese-Techniken in 4 Serumproteinsystemen (BF, C3, GC, HP) und 9 Enzym polymorphismen (ACP (EC 3.1.3.2), ADA (EC 3.5.4.4), AK (EC 2.7.4.3.), AMY-2 (EC 3.2.1.1), ESD (EC 3.1.1.1), GLO (EC 4.4.1.5.), GALT (EC 2.7.7.12), 6-PGD (EC 1.1.1.44), PGM-1 (EC 2.7.5.1)) untersucht.

Die Untersuchungen konzentrierten sich auf:

1. Die Berechnung der Allelfrequenzen zur Darstellung des Genpools des Untersuchungsgebietes,
2. Die Aufstellung von Stammbäumen zur genealogischen Interpretation der Resultate.

Aus der Kombination der hämogenetischen mit den historisch-demographischen Daten konnten nämlich Rückschlüsse auf die Entwicklungsdynamik der gegenwärtigen genetischen Struktur der untersuchten Bevölkerungen gezogen werden.

Die Hauptbefunde können folgendermassen geschildert werden:

1) Intraregionaler Vergleich.

- a) Der χ^2 -Test zeigt die kleinste Abweichung zwischen den

Bevölkerungen aus dem Mattertal und aus dem Visptal;
der Vergleich "Mattertal"/"Saastal" ergibt hingegen bei 9 der 13 untersuchten elektrophoretischen Systemen die Zurückweisung der Nullhypothese.

b) Die Berechnung der genetischen Distanz zwischen den Stichproben der einzelnen Gemeinden und derjenigen eines gemeinsamen "neutralen" Bezugsortes (Stalden) ergibt, dass die Bevölkerungen des Mattertales und Saastales genetisch verschieden sind.

Demzufolge kann man vermuten, dass sich die genetischen Eigenschaften der beiden Bevölkerungen langfristig relativ getrennt entwickelt haben.

c) Die Aufstellung von Stammbäumen mit Hilfe von Allelvarianten als "genealogischen Detektoren" wurde unter Berücksichtigung der relativ kleinen Anzahl der erfassten Familien zur Ueberprüfung des angenommen beschränkten Genaustausches zwischen den Talbevölkerungen angewendet:

Es konnten in der Tat keine familiäre Beziehungen zwischen den betroffenen Populationsstichproben aus beiden Tälern festgestellt werden.

d) Die Betrachtung der hervorgehobenen lokalen Schwankungen bei den Allelfrequenzen in den Dörfern als Folge von familiären Anhäufungen (z.B. 6-PCD*B in Saas Almagell, BF*F in Grächen) wurde ebenfalls durch die Aufstellung von Stammbäumen genealogisch hinreichend plausibel belegt.

2) Interregionaler Vergleich

a) Zur Einordnung der Bevölkerung aus den Vispertälern in die genetische Struktur des Oberwallis wurden die genetische Distanzen zwischen den Stichproben aus dem Untersuchungsgebiet und aus dem Rhonetal (Obergoms, Untergoms, Region von Brig) berechnet.

Die grösste Differenz in der Komposition des Erbanlagebestandes wurde zwischen unseren einzelnen Stichproben und derjenigen aus dem Obergoms gefunden;

der kleinste Unterschied ergab sich aus dem Vergleich mit der "Region Brig".

Es wird ein genetisches Gefälle entlang dem Rhonetal vom Osten her gegen die Vispertäler festgestellt.

b) Die grösste Aehnlichkeit zu der gesamtschweizerischen Stichprobe weist die Bevölkerung des Visptales auf, die kleinste wird beim "Saastal" gefunden.

c) Darüber hinaus bringt die Cluster-Analyse die besondere Stellung einiger Gemeinden deutlich zur Geltung:

Der Vorschlag einer sozio-ökonomischen Interpretation der Befunde in Saas Fee, St. Niklaus und Zermatt wird durch genealogisch-demographische Untersuchungen belegt.

VII. SCHLUSSWORT

Ich möchte an dieser Stelle einige Schlussbetrachtungen über meine Arbeit unterbreiten.

Das ursprüngliche Anliegen bei der Untersuchung der *Vispertäler* war die Erhebung von Vergleichsdaten im Rahmen des laufenden Projektes mit besonderer Berücksichtigung der Stellung von Törbel: Die genealogisch-demographischen Untersuchungen von R. Netting und W. Ellis (NETTING, 1981) in dieser Gemeinde des Mattertales gaben eigentlich den Anlass zum Beginn des ganzen bevölkerungsgenetischen Forschungsprojektes. Die Versorgung der Blutproben aus den Vispertälern sowie die ersten Erhebungen am Ort wurden in diesem Sinne gestaltet.

Die Beurteilung der Resultate ergab aber so anregende Hinweise (u.a. den festgestellten statistisch signifikanten Unterschied zwischen den Talbevölkerungen, die besondere Stellung einiger Gemeinden, das Auftreten seltener Allele), dass eine vertiefte Beschäftigung mit der "genetischen Geschichte" des Untersuchungsgebietes selbst zur Hauptfrage der Arbeit wurde.

Die Betrachtung der zahlreichen Publikationen über populationsgenetische Untersuchungen bei verschiedenen Bevölkerungen in der ganzen Welt überzeugte mich,

1. dass eine interdisziplinäre Mitarbeit (mit Historikern, Demographen, Mathematikern) unentbehrlich wäre, um zuverlässigere und damit in erster Linie für mich selbst mehr befriedigende Resultate zu erhalten ;
2. dass die in meiner Arbeit angewendeten Analyse-Methoden jedoch korrekt

sind und mir erlauben, gut begründete Hypothese aufzustellen und vorzuschlagen.

Solche Werke liefern sehr stimulierende Anregungen: Ich denke hier zum Beispiel an die Untersuchungen über die finnische Åland Inseln (ERIKSSON, 1980), die ungarische Region Bodrogeköz (WALTER & NEMESKERI, 1972), verschiedene Bevölkerungsgruppen jüdischer Abstammung (BONNE-TAMIR et al., 1979) oder die Insel Tristan da Cunha (ROBERTS, 1980).

Die Forschung nach der Entstehungsgeschichte (d. h. nach dem geographisch-demographisch-historischen "background") einer Bevölkerungsgruppe ist selbstverständlich für die richtige Interpretation der Ergebnisse von fundamentaler Bedeutung, obwohl letztere durch allgemein geltende, generalisierte Analysemethoden erhältlich sind.

Bei den *Vispertälern* geht es weder um ein "kulturelles" (z.B. die Samariter, siehe BONNE-TAMIR, 1980) noch um ein "geographisches" (die Insel Tristan da Cunha) Isolat; es sind keine wiederholten Eingriffe von fremden Bevölkerungsgruppen (Åland-Inseln, siehe JORDE et al., 1981) oder bedeutende Migrationsprozesse (wie es z.B. bei den Walsern der Fall ist) bekannt; keine dramatischen Ereignisse (wie der Tod von einer grossen Anzahl Männer bei einem Schiffsunfall in Tristan da Cunha) oder Krankheiten (anfangs des 19. Jahrhunderts erlagen 30% der Einwohner der Åland Insel mehreren Epidemien, siehe MIELKE, 1981) wirkten auf die genetische Struktur der Bevölkerung ein (mit dem sogenannten "Flaschenhals-Effekt"). Als wichtiger Faktor bei der Dynamik der Entstehung des Erbanlagenbestandes der *Vispertäler* würde ich eher einen *bescheidenen* aber *konstanten* Ein- und Abfluss von Genen vermuten.

Die aus den *Vispertälern* nach Italien führenden Pässe, nämlich Antrona

Pass und Monte Moro Pass im Saastal, sowie der Theodul Pass im Mattertal, müssen schon den Römern bekannt gewesen sein (ARNOLD, 1979). Der Handel mit Schafen, mit Wolle und mit Tuch war längere Zeit die hauptsächlichliche Verdienstquelle der Matter und Saaser: Die Erzeugnisse des Tuchgewerbes aus Stalden, Saas, St. Niklaus und Zermatt gelangten über diese Pässe sowie über den Simplon nach Italien (DUBOIS, 1965). Die Beziehungen mit den angrenzenden Gebieten in Nord-Italien (Aostatal, Sesiatal, Anzascatal) waren also längere Zeit vom bedeutendem Ausmass.

Der Austausch mit den Bevölkerungen aus dem Rhonetal und Visptal andererseits durfte wahrscheinlich bis zum Bau einer fahrbaren Strasse (Saas Fee und Saas Almagell zum Beispiel waren 1926 immer noch nur zu Fuss erreichbar) bescheiden und auf wenige, der Talabzweigungsstelle nahe liegenden Gemeinden beschränkt gewesen sein.

In unserem Jahrhundert hat die Verbindung mit Italien nachgelassen: Die wirtschaftlich bedingten Migrationen innerhalb der Vispertäler nach Norden (Industrie-Dreieck Brig-Gampel-Stalden mit Visp als Zentrum) und in die umgekehrte Richtung (nach Zermatt, Saas Fee) spielten vermutlich eine wichtige Rolle bei der Mitbestimmung der "neuen" genetischen Struktur der Täler. Die familiären Beziehungen zwischen den Talbevölkerungen (Mattertal und Saastal insbesondere) bekommen hingegen auf Grund unserer Erhebungen keine besondere Bedeutung.

Die Typisierung von Blutmerkmalen bei Personen von bestimmten Altersklassen und damit der "direkte" Vergleich der Genstruktur der Täler bei verschiedenen Zeitepochen könnte zum Beispiel entscheidend zur Nachprüfung der postulierten Umstrukturierungen in dem Erbanlagenbestand im Laufe dieses Jahrhunderts beitragen; die Berechnung des Inzuchtskoeffizientes sowie der Heiratsdistanzen wäre darüber hinaus wünschenswert. Der

Vergleich mit den Befunden anderer Autoren bei verschiedenen Bevölkerungen (selbstverständlich nur unter Berücksichtigung der unterschiedlichen historischen und demographischen Voraussetzungen bei den einzelnen Gebieten) könnte dann berechtigt sein.

VIII. DANK

Ich möchte an dieser Stelle allen herzlich danken, die mir bei der Durchführung meiner Dissertation geholfen haben:

-Herrn Prof. Dr. med. J. Biegert, für die Ueberlassung des Themas und die Möglichkeit der Arbeitsdurchführung am Anthropologischen Institut der Universität Zürich-Irchel;

-Herrn Dr. W. Scheffrahn, für die Beratung während der Arbeit. Herr Scheffrahn hat mich unterstützt sowohl bei der Beschaffung der Blutproben wie bei der Begutachtung der Laborbefunde.

-allen Einwohnern der Vispertäler, die sich zur Blutabnahme bereit erklärten ;

-den Personen, die bei den organisierten Aktionen geholfen haben, im besonderen:

Herrn I.Sieber vom Zentrallaboratorium des SRK, Bern

Herrn Dr. med. F.Lochmatter, St. Niklaus

Herrn Dr. med. M.Ninck, Saas Grund

Herrn Dr. med. C.Fuchs, Stalden

Herrn Dr. med. Zur Brunn und Schwester Marie-Madeleine, Blutbank des Spitals Visp

Frau In-Albon, Blutbank des Spitals Brig;

-den zahlreichen Personen, die mir die grundlegende Informationen zur Aufstellung der Stammbäumen lieferten. Mein besonderer Dank gilt:

Frl. Adi Kratzer, die mich bei der Datenerhebung am Ort sehr freundlich unterstützte

Herrn G. Abgottspon, Gemeindeverwaltung, Stalden

Herrn E. Anthamatten, Gemeindepräsident, Saas Almagell

Frau H. Fux-Juon, St. Niklaus

Herrn E. Gruber, Gemeindeverwaltung, Randa

Herrn und Frau Gerold und Mathilde Kalbermatten-Blumenthal, Gemeindeverwaltung, Saas Fee

Herrn A. Lengen, Gemeindeverwaltung, Embd

dem Bruder Stanislaus Noti, Kapuzinerkloster Wesemlin, Luzern

der Familie Schwarzen-Truffer, Randa

Herrn J. Zumtaugwald, Gemeindepräsident, Randa

Herrn Dr. B. Truffer, Staatsarchiv, Sitten

Herrn K. Walker, Gemeindepolizist, Grächen

-Herrn H. Imboden, Justiz Departement des Kantons Wallis, Sitten für die Ueberlassung der Bewilligung zur Ansichtnahme der Zivistandsamtregister in den einzelnen Gemeinden und

Herrn A. Schmid, Finanzdepartement des Kantons Wallis, Sitten, für die Zusendung zahlreichen ESTA-Unterlagen;

-Frau G. Greuter für die Herstellung der Photo-Aufnahmen;

-Allen Arbeitskollegen, die mir auf verschiedene Weise geholfen haben, sei es durch Mitarbeit im Labor wie auch durch stimulierende Diskussionen; ganz speziell sei meinen Freunden Marco Gagliardi, Thomas Geissmann, Adi Kratzer und Michela Tela gedankt.

Ein besonders herzlicher Dank gilt Herrn T. Geissmann: er unternahm die

Computer-Analysen, machte mich mit grosser Geduld in die Benützung des VM/CMS-Terminalsystem vertraut und unterstützte mich immer sehr freundlich während der Entstehung des Manuskriptes.

Die vorliegende Dissertation wurde partiell mit finanzieller Unterstützung durch die Julius-Klaus-Stiftung (Zürich) durchgeführt.

IX. LITERATUR

- ALPER, C.A., R.P. PROPP (1968): Genetic polymorphism of the third component of human complement (C'3). *J.clin. Invest.* 47, 2181
- ALPER, C.A., T. BOENISCH, L. WATSON (1972): Genetic polymorphism in human glycine-rich beta-glycoprotein. *J. exp. Med.* 135, 68
- AYALA, F.J. (1982): Biologie moléculaire et évolution. Collection de Biologie Evolutive dirigée par G. Lucotte, n. 7 Masson, Paris
- ARNOLD, P. (1979): 2000 Jahre Pass- und Fremdenverkehr im Wallis. Rotten-Verlag, Brig.
- BEDOT, M. (1898): Notes anthropologiques sur le Valais II. *Bull. Soc. Anthropol. Paris, Sér.4*
- BERINGER, M. (1967): Statistische Auswertung von Blut- und Serumgruppenbestimmungen bei Fällen strittiger Abstammung. *Arch. Julius Klaus-Stiftung* 42, 63
- BISSBORT, S., J. KOEMPF (1972): Population Genetics of red cell galactose-1-phosphate-uridylyltransferase (E.C.2.7.7.12) *Humangenetik* 17, 79
- BOHNENBERGER, K. (1913): Die Mundart der deutschen Walliser im Heimattal und in den Aussenorten. *Beiträge zur Schweizerdeutschen Grammatik* 6, Frauenfeld
- BONNE-TAMIR, B. (1980): The Samaritans: A Living Ancient Isolate. in: ERIKSSON, A.W. (ed.-in-chief): Population Structure and Genetic Disorders. Academic Press, London
- BONNE-TAMIR, B., S. KARLIN, R. KENETT (1979): Analysis of Genetic Data on Jewish Populations. I. Historical Background, Demographic Fea-

- tures and Genetic markers. *Am. J. Hum. Genet.* 31, 324
- CARTER, N.D., C.M. WEST, E. EMES, B. PARKIN, W.H. MARSHALL (1979): Phosphoglucumutase polymorphism detected by isoelectric focusing: gene frequencies, evolution and linkage. *Annals of Hum. Biol.* 6, 221
- CIBA-GEIGY AG (1980): Wissenschaftliche Tabellen Geigy. Teilband Statistik. Ciba-Geigy, Basel
- CONSTANS, J., H. CLEVE, D.DYKES, M. FISCHER, R.L. KIRK, S.S. PAPIHA, W. SCHEFFRAHN, R. SCHERZ, M. THYMAN, W.WEBER (1983): The Polymorphism of the vitamin-D-binding protein (Gc): Isoelectric focusing in 3M urea as additional method for identification of genetic variants. *Humangenetik* 65, 176
- DUBOIS, A. (1965): Die Salzversorgung des Wallis 1500-1610. Wirtschaft und Politik. Verlag P.G. Keller, Winterthur
- ERIKSSON, W.A. (1980): Aland: A case study: An Introduction. in: ERIKSSON, W.A. (ed.-in-chief): Population Structure and Genetic Disorders. Academic Press, London
- ESTA (EIDGENÖSSISCH STATISTISCHES AMT, BERN): Daten aus den Volkszählungen 1930, 1940, 1950, 1960, 1970, 1980.
- FILDES, R.A., C.W.PARR (1963): Human Red-cell Phosphoglucate Dehydrogenases. *Nature* 200, 890
- FILDES, R.A., H. HARRIS (1966): Genetically determined variation of adenylate kinase in man. *Nature* 209, 261
- FRIEDL, J. (1974): Kippel: a changing village in the Alps. Holt, Rinehart & Winston, New York
- GAGLIARDI, M. (1984): Eine hämatogenetische und populationsgenetische Studie über die Bevölkerung des französisch sprechenden Wallis. Diplo-

- marbeit aus dem Anthropologischen Institut der Universität Zürich
- GESERICK, G., D. PATZELT, H. SCHROEDER (1983): Das Bf-System: Subtypisierbarkeit durch Isoelektrofokussierung. in: Referate. 10. Intern. Kongr. der Ges. für Forens. Blutgruppenkunde, München 11.-15.10.1983
- GIBLETT, E.R. (1969): Genetic Markers in Human Blood. Blackwell, Oxford
- GLOOR, P.A. (1959/60 1960/61;1961/62;1962/63): Modification anthropologique de la population du Valais. *Bull. Schweiz. Ges. Anthropol. Ethnol.* 36, 6 !37!, 11; !38!, 4; !39!, 4
- GLOOR, P.A. (1976): Répartition géographique des caractères de pigmentation en Suisse. *Arch. suisses Anthropol. gén.* 40/1, 92
- HAEGLER, K. (1953/54): Zur Anthropologie der Walser von Vals im Lugnez (Graubünden). *Bull. Schweiz. Ges. Anthropol. Ethnol.* 30, 515
- HANHART, E. (1961): Ergebnisse der demogenetischen Erforschung der Isolate mit besonderer Berücksichtigung der Schweizer Inzuchtgebiete. *De Genetica Medica III*, 54
- HARRIS, H., D.A.HOPKINSON (1976): Handbook of Enzyme Electrophoresis in Human Genetics. Elsevier-North-Holland-Excerpta Medica, Amsterdam
- HIRSCHFELD, J., B. JONSSON, M. RASMUSON (1960): Inheritance of a new group-specific system demonstrated in normal human sera by means of an immunoelectrophoretic technique. *Nature* 185, 931
- HOPKINSON, D.A., N. SPENCER, H. HARRIS (1963): Red cell acid phosphatase variants: a new human polymorphism. *Nature* 199, 969
- HOPKINSON, D.A., M.A. MESTRINER, J. CORTNER, H. HARRIS (1973): Esterase D: a new human polymorphism. *Ann. Hum. Genet.* 37, 119
- HUSSELS, I. (1969): Genetic structure of Saas, a Swiss isolate. *Human*

Biol. 41, 469

- IMSENG, K. (1973): Saas-Thal. Neue Buchdruckerei Visp AG, Visp
- JORDE, L.B., P.L. WORKMAN, A.W. ERIKSSON (1981): Genetic Microevolution in the Aland Islands, Finland. in: CRAWFORD, M.H., J.H. MIELKE (Eds.): Current Developments in Anthropological Genetics. Vol. 2: Ecology and population structure. Plenum Press, New York and London
- KAMARYT, J., R. LAXOVA (1965): Amylase heterogeneity: some genetic and clinical aspects. *Humangenetik* 1, 579
- KOEMPF, J., S. BISSBORT, S. GUSSMANN, H. RITTER (1975): Polymorphism of Red Cell Glyoxalase I (E.C.4.4.1.5). A New Genetic Marker in Man. *Humangenetik* 27, 141
- KOEMPF, J., G. SIEBERT, H. RITTER (1979): Human Pancreatic Amylase Polymorphism: Formal Genetics and Population Genetics. *Humangenetik* 51, 217
- KRAPF, K., B.R. KUNZ (1955): Hilfe an die Bergbevölkerung durch Ansiedlung von Industriebetrieben, dargestellt am Beispiel von St. Niklaus und Vollèges (Wallis). Sonderheft 60 der "Volkswirtschaft", Eidg. Volkswirtschaftsdepartement, Bern.
- KRATZER, A. (1983): Eine hämatogenetische und populationsgenetische Studie über die Bevölkerung des Goms. Diplomarbeit aus dem Anthropologischen Institut der Universität Zürich
- KREIS, H. (1966): Die Walser. Ein Stuck Besiedlungsgeschichte der Zentralalpen. Franke Verlag, Bern und München
- KRONIG, S. (1927): Familienstatistik und Geschichtliches über die Gemeinde Zermatt. Pöpstl. Theodosius-Buchdruckerei, Ingenbohl, Kt. Schwyz

- LE COMTE, J. (1926): Etude monographique de la vallée de Saas. Thèse Univ. Fribourg
- LANDTWING, K.J. (1979): Die Arbeiterbauern des Lonza-Werkes Visp und ihre Kulturlandschaft. Dissertation aus dem Geographischen Institut der Universität Zürich
- MARKS, E.I. (1983): Hämatogenetische und populationsgenetische Studie über die Bevölkerung des mittleren Rhonetales (Kt. Wallis). Diplomarbeit aus dem Anthropologischen Institut der Universität Zürich
- MARTIN, W. (1979): Neue Elektrophoresemethoden zur Darstellung von Serum- und Enzym polymorphismen: technische Verbesserungen, Hinweis auf weiteres EsD-Allel. *Aerztl. Lab.* 25, 65
- MATHAI, C.K., E. BEUTLER (1966): Electrophoretic variation of galactose-1-phosphate uridylyltransferase. *Science* 154, 1179
- MAUFF, G., G. HAUPTMANN, H.W. HITZEROTH, F.D. GAUCHEL, R. SCHERZ (1978): The nomenclature of properdin factor B allotypes. *Z. Immunitätsforsch.* 154, 115
- MIELKE, J.H., E.J. DEVOR, P.L. KRAMER, P.L. WORKMAN, A.W. ERIKSSON (1981): Historical Population Structure of the Aland Islands, Finland. in: CRAWFORD, M.H., J.H. MIELKE (Eds.): Current Developments in Anthropological Genetics. Vol. 2: Ecology and population structure. Plenum Press, New York and London
- MERRITT, A.D., E.W. LOURIEN, M.L. RIVAS, P.M. CONNEALLY (1973): Human amylase loci: genetic linkage with the Duffy blood group locus and assignment to linkage group I. *Amer. J. hum. Genet.* 25 523
- MOESCHLER, P. (1971): Anthropologie et analyse régionale: Enquête interdisciplinaire dans le Clos du Doubs (Jura bernois, Suisse). *Arch. suisses Anthropol. gén.* 35, 1

- MUELLER, A. (1979): Enzympolymorphismen der ADA, AK und 6-PGD in der Bevölkerung von Törbel (VS). Semesterarbeit aus dem Anthropologischen Institut der Univ. Zürich
- NEMESKERI, J. (1974): Untersuchungen der genetischen Struktur von Populationen mit Hilfe eines historischen Bewegungsmodells. in: BERNHARD, W., A. KANDLER (Hrsg.): Bevölkerungsbiologie. Biology of Human Populations. Gustav Fischer Verlag, Stuttgart
- NETTING, R. MCC. (1981): Balancing on an Alp. Cambridge Univ. Press
- NEURY, J.-E. (1976): Bref aperçu de l'évolution démographique de la Suisse depuis 1900. *Arch. suisses Anthropol. gén.* 40/1, 9
- PARR, C.W. (1966): Erythrocyte Phosphogluconate dehydrogenase polymorphism. *Nature* 210, 487
- PFLUGSHAUP, R., R. SCHERZ, L. STEINEGGER, R. BUTLER (1976): The Frequency of the Polymorphism of C3 in the Swiss Population and some Remarks on the Identification of Rare Phenotypes. in: PEETERS, H. (Hrsg.): Proteids of the Biological Fluids. 22. Colloquium. Pergamon Press, Oxford and New York
- PFLUGSHAUP, R., R. SCHERZ, R. BUTLER (1978): Polymorphism of several red cell enzymes in the swiss population. *Acta Anthropogenetica* 2, 1
- PITTARD, E., L. REVERDIN (1921/22): Anthropologie de la Suisse. Etude craniologique de la vallée de la Viège de St. Nicolas (Zermatt, Täsch, St. Nicolas). *Arch. suisses Anthropol. gén* IV/4
- PREVOSTI, A., J. OCANA, G. ALONSO (1975): Distances between populations of *Drosophila subobscura* based on chromosome arrangement frequencies. *Theoretical and Applied Genetics* 45, 231
- RITTER, H. (1973): Die Evolution des Menschen. Die genetischen und bio-

- chemischen Aspekte. in: AUTRUM, H., U. WOLF (Hrsg.): Humanbiologie. Heidelberger Taschenbücher, Springer Verlag
- RITTER, H., G. JOERGENSEN, F. VOGEL (1975): Haptoglobin-polymorphismus. in: BECKER, P.E. (Hrsg.): Humangenetik. Bd. 1/3 Georg Thieme Verlag, Stuttgart
- ROBERTS, D.F. (1980): Genetic Structure and the Pathology of an Isolated Population. in: ERIKSSON, W.A. (ed.-in-chief): Population Structure and Genetic Disorders. Academic Press, London
- ROSIN, S. (1956): Die Verteilung der ABO-Blutgruppen in der Schweiz. *Arch. Julius Klaus-Stiftung XXXI/1-2*
- ROWE, A.W., E. EYSTER, A. KELLNER (1968): Liquid nitrogen preservation of red blood cells for transfusion. *Cryobiology* 5/2, 119
- SAUTER, M.-R. (1950): Prehistoire du Valais. *Vallesia* 5, 1
- SCHEFFRAHN, W. (1983): Gc variants in swiss populations. In: Referate. 1o. Intern. Kongr. der Ges. für Forens. Blutgruppenkunde, München, 11.-15.10.1983
- SCHEFFRAHN, W. (1983A): Anthropologisch-genetische Untersuchungen im Wallis, I. *Arch. suisses Anthropol. gen.* 47/1, 55
- SCHERZ, R., PFLUGSHAUP, R., R. BUTLER (1977): Genetic polymorphism of glycine-rich-beta-glycoprotein in the Swiss and Italian population. *Hum. Hered.* 27, 143
- SCHERZ, R., R. PFLUGSHAUP, R. BUTLER (1981): Isoelectric focusing of human red cell Phosphoglucomutase (PGM₁-E.C.2.7.5.1). Phenotype distribution in the swiss population - Rare phenotypes. *Hum. Hered.* 31, 187
- SCHLAGINHAUFEN, O. (1946): Anthropologia Helvetica, Ergebnisse anthropologischer Untersuchungen an den schweizerischen Stellungspflichtigen.

- I. Die Anthropologie der Eidgenossenschaft. *Arch. Julius Klaus-Stiftung, Ergänzungsband zu Bd. 21, 2 Vol.*
- SCHLEGEL, M.J., V. WEILENMANN-GRIESHABER (1976): Isolatuntersuchung im Unterengadin (Kt. Graubünden, Schweiz). *Arch. suisses Anthropol. gén.* 40, 53
- SCHNIDRIG, R. (1953): 1632-1952. Familienchronik von Grächen. Buchdruckerei Oberwallis, Naters-Brig (Verlag Faksimile-Nachdruck 1980)
- SCHWERZ, F. (1915): Die Völkerschaften der Schweiz von der Urzeit bis zur Gegenwart. *Studien und Forschungen zur Menschen- und Völkerkunde XIII* Stuttgart
- SMITHIES, O. (1955): Zone electrophoresis in starch gel: group variations in the serum proteins of normal human adults. *Biochem. J.* 61, 629
- SNEATH, P.H.A., R.R. SOKAL (1973): Numerical taxonomy. W.H. Freeman and Co., San Francisco.
- SPENCER, N., D.A. HOPKINSON, H. HARRIS (1964): Phosphoglucomutase polymorphism in man. *Nature* 204, 742
- SPENCER, N., D.A. HOPKINSON, H. HARRIS (1968): Adenosine deaminase polymorphism in man. *Ann. Hum. Genet.* 32, 9
- SPIELMANN, W., P. KUEHNEL (1982): Blutgruppenkunde. Georg Thieme Verlag, Stuttgart-New York
- SJKV: STATISTISCHES JAHRBUCH DES KANTONS WALLIS (1982): Finanzdepartement des Kantons Wallis. Kantonaes Statistisches Amt
- SUMMERMATTER, V. (1975): St. Niklaus. Familienstatistik und Chronik. Buchdruckerei Oberwallis, Brig und Naters
- TEISBERG, P. (1970): High voltage agarose gel electrophoresis in the study of C3 polymorphism. *Vox Sang.* 19, 47
- WALTER, H., J. NEMESKERI (1972): Population genetic investigation in

- the Bodrogekőz area of NE-Hungary. in: TORO, I., E. SZABADY, J. NEMESKERI, O.G. EIBEN (Eds.): Advances in the biology of human populations.
- WEIDINGER, S., F. SCHWARZFISCHER, H. CLEVE (1981): Genetische Untersuchungen zum Gt-Polymorphismus mittels der Agarosegel Isoelektrofokussierung. in: Referate. 9. Intern Tagung der Ges. für For. Blutgruppenkunde, Bern, 29.9.-3.10.1981
- WEIDINGER, S., F. SCHWARZFISCHER, R. BURGERMEISTER, H. CLEVE (1984): Two new Bf S Subtypes revealed by isoelectric focusing and immunofixation. *Humangenetik* 68, 90
- WIEME, R.J., L. DEMEULENAERE (1967): Genetically detemined electrophoretic variant of human complement component C'3. *Nature* 214, 1042
- WILSON, E.O., W.H. BOSSERT (1973): Einführung in die Populationsbiologie. Heidelberger Taschenbücher, Springer Verlag
- ZURBRIGGEN, J. (1952): Täscher Familienstatistik, Chronik und Kirche. Buchdruckerei Tscherrig, Tröndle & Co. AG., Brig
- ZURBRIGGEN, J. (1960): Familienstatistik Saastal. Neue Buchdruckerei Visp AG, Visp

X. ANHANG

A. Ueberpruefung des Hardy-Weinberg-Gleichgewichtes.

A.1. Properdin Faktor B (BF).

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
S - S	642	72.87	612.3	69.50	1.4362
F - S	148	16.80	210.9	23.94	18.7827
F - F	51	5.79	18.2	2.07	59.3382
S-S0.7	15	1.70	13.4	1.52	0.1910
F-S0.7	9	1.02	2.3	0.26	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.1	0.01	*
F1.0-S	14	1.59	20.0	2.27	1.8000
F1.0-F	2	0.23	3.4	0.39	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.2	0.02	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.2	0.02	*3.7161
Total	881	100.00	881.0	100.00	85.2642

Vispertäler FG = 4 $p < 0.01$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
BF					
S - S	218	71.71	208	68.42	0.4744
F - S	57	18.75	78.6	25.86	5.9447
F - F	19	6.25	7.4	2.43	18.0355
S-S0.7	3	0.99	2.5	0.82	*
F-S0.7	0	0.00	0.5	0.17	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.01	0.00	*
F1.0-S	7	2.30	5.8	1.91	*
F1.0-F	0	0.00	1.1	0.36	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.04	0.01	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.04	0.01	*0.0012
Total	304	100.00	303.99	99.99	24.4558

Visptal

FG = 3 $p < 0.01$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
BF					
S - S	237	74.06	221.9	69.36	1.0222
F - S	52	16.25	81.6	25.51	10.7379
F - F	22	6.88	7.5	2.34	28.0282
S-S0.7	3	0.94	3.4	1.06	*
F-S0.7	1	0.31	0.6	0.19	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.01	0.00	*
F1.0-S	4	1.25	4.2	1.30	*
F1.0-F	1	0.31	0.7	0.23	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.01	0.00	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.01	0.00	* 0.0055
Total	320	100.00	319.9	99.99	39.7938

Mattertal

FG = 3 $p < 0.01$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
BF					
S - S	187	72.76	182.83	70.97	0.1170
F - S	39	15.18	50.53	19.66	2.6309
F - F	10	3.89	3.50	1.36	*
S-S0.7	9	3.50	7.58	2.95	0.2660
F-S0.7	0	0.00	1.05	0.41	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.08	0.03	*
F1.0-S	11	4.28	10.13	3.94	0.0747
F1.0-F	1	0.39	1.40	0.54	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.20	0.08	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.14	0.05	* 3.3653
Total	257	100.00	256.99	99.99	6.4539

Saastal

FG = 4 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
BF					
S - S	5	45.45	5.8	52.86	0.1152
F - S	5	45.45	3.7	33.06	*
F - F	0	0.00	0.6	5.18	*
S-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-S	1	9.09	0.7	6.63	*
F1.0-F	0	0.00	0.2	2.09	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.02	0.18	* 0.1166
Total	11	99.99	11.01	100.00	0.2318

Visp

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
BF					
S - S	108	77.70	103.6	74.53	0.1873
F - S	23	16.55	31.9	22.95	*
F - F	7	5.04	2.5	1.80	*
S-S0.7	1	0.71	0.9	0.65	*
F-S0.7	0	0.00	0.1	0.07	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.01	0.00	*
F1.0-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-F	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.0	0.00	* 0.5481
Total	139	100.00	139.01	100.00	0.7354

Visperterminen

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
BF					
S - S	91	68.94	85.9	65.12	0.3001
F - S	24	18.18	35.5	26.91	3.7288
F - F	10	7.58	3.7	2.81	*
S-S0.7	2	1.51	1.6	1.21	*
F-S0.7	0	0.00	0.3	0.23	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.01	0.00	*
F1.0-S	5	3.79	4.0	3.03	*
F1.0-F	0	0.00	0.8	0.61	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.04	0.03	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.05	0.04	* 3.9093
Total	132	100.00	131.9	99.99	7.9381

Stalden

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
BF					
S - S	14	63.64	13.1	59.52	0.0569
F - S	5	22.72	7.0	31.80	*
F - F	2	9.09	0.9	4.09	*
S-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-S	1	4.55	0.8	3.63	*
F1.0-F	0	0.00	0.2	0.91	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.01	0.04	*0.0843
Total	22	100.00	22.01	99.99	0.1412

Staldenried

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
BF					
S - S	34	79.07	29.3	68.14	0.7507
F - S	3	6.98	12.4	28.84	*
F - F	6	13.95	1.3	3.02	*
S-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-F	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.0	0.00	*1.6070
Total	43	100.00	43.0	100.00	2.3577

Embd

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
S - S	17	58.62	14.5	50.00	0.4342
F - S	6	20.69	10.6	36.55	*
F - F	4	13.79	1.9	6.55	*
S-S0.7	1	3.45	1.4	4.83	*
F-S0.7	1	3.45	0.5	1.72	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.1	0.34	*
F1.0-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-F	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.0	0.00	*0.4310
Total	29	100.00	29.0	99.99	0.8652

Grächen

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
S - S	41	70.69	39.7	68.44	0.0409
F - S	12	20.69	14.9	25.69	*
F - F	3	5.17	1.4	2.41	*
S-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-S	2	3.45	1.7	2.93	*
F1.0-F	0	0.00	0.3	0.52	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.01	0.01	*0.0889
Total	58	100.00	58.01	100.00	0.1298

Randa

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
BF					
S - S	65	73.86	63.0	71.59	0.0589
F - S	17	19.32	21.2	24.09	*
F - F	4	4.54	1.8	2.04	*
S-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-S	2	2.27	1.7	1.93	*
F1.0-F	0	0.00	0.3	0.34	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.01	0.01	*0.1615
Total	88	99.99	88.01	100.00	0.2204

St. Niklaus

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
BF					
S - S	21	77.77	17.9	66.39	0.5274
F - S	1	3.70	5.7	21.14	*
F - F	2	7.41	0.5	1.85	*
S-S0.7	1	3.70	0.8	2.97	*
F-S0.7	0	0.00	0.04	0.15	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.01	0.04	*
F1.0-S	0	0.00	1.6	6.05	*
F1.0-F	2	7.41	0.3	1.11	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.03	0.15	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.03	0.15	*1.0056
Total	27	99.99	27.00	100.00	1.5330

Täsch

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
BF					
S - S	59	78.67	58.0	77.33	0.0146
F - S	13	17.33	15.0	20.00	*
F - F	2	2.67	1.0	1.33	*
S-S0.7	1	1.33	0.9	1.20	*
F-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-F	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.0	0.00	*0.0500
Total	75	100.00	75.0	100.00	0.0646

Zermatt

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
BF					
S - S	17	77.27	16.4	74.54	0.0214
F - S	4	18.18	5.2	23.64	*
F - F	1	4.55	0.4	1.82	*
S-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-F	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.0	0.00	*0.0627
Total	22	100.00	22	100.00	0.0841

Eisten

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
S - S	31	81.58	30.4	79.98	0.0111
F - S	5	13.16	6.3	16.58	*
F - F	1	2.63	0.3	0.79	*
S-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-S	1	2.63	0.9	2.37	*
F1.0-F	0	0.00	0.1	0.26	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.01	0.02	*0.0446
Total	38	100.00	38.01	100.00	0.0557

Saas Balen

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
S - S	69	82.14	68.7	81.77	0.0008
F - S	11	13.09	11.08	14.04	*
F - F	1	1.19	0.5	0.60	*
S-S0.7	1	1.19	0.9	1.07	*
F-S0.7	0	0.00	0.1	0.12	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-S	2	2.38	1.8	2.14	*
F1.0-F	0	0.00	0.2	0.24	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.01	0.01	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.01	0.01	*0.0035
Total	84	99.99	84.01	100.00	0.0043

Saas Grund

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
S - S	61	61.62	59.1	59.76	0.0611
F - S	15	15.15	21.6	21.84	2.0167
F - F	6	6.06	2.0	2.02	*
S-S0.7	8	8.08	6.2	6.27	0.5226
F-S0.7	0	0.00	1.1	1.11	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.2	0.20	*
F1.0-S	8	8.08	7.0	7.08	0.1429
F1.0-F	1	1.01	1.3	1.31	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.2	0.20	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.2	0.20	*0.8000
Total	99	100.00	98.9	99.99	3.5433

Saas Fee

FG = 4 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
S - S	9	64.29	8.6	61.87	0.0148
F - S	4	28.57	4.7	33.81	*
F - F	1	7.14	0.6	4.32	*
S-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
S0.7-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-F	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-S0.7	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.0-F1.0	0	0.00	0.0	0.00	*0.0239
Total	14	100.00	14.0	100.00	0.0386

Saas Almagell

FG = 1 $p > 0.05$

A.2. Komplementfaktor 3 (C3).

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
C3					
S - S	628	72.60	628.8	72.70	0.0010
F - S	199	23.01	199.6	23.08	0.0016
F - F	17	1.96	15.8	1.82	0.0857
F0.5-S	16	1.85	13.6	1.57	0.4235
F1.2-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-F	1	0.12	0.1	0.01	*
S-S0.35	2	0.23	1.8	0.21	*
S-S0.5	2	0.23	1.8	0.21	*
sonstige	0	0.00	3.5	0.40	*0.6722
Total	865	100.00	885.0	100.00	1.1840

Vispertäler

FG = 4 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
C3					
S - S	221	73.42	221.1	73.46	0.0001
F - S	69	22.92	69.5	23.09	0.0029
F - F	6	1.99	5.5	1.83	0.0548
F0.5-S	5	1.67	4.3	1.42	*
F1.2-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-F	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.35	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.5	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.6	0.20	*0.0020
Total	301	100.00	301.0	100.00	0.0598

Visptal

FG = 3 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
C3					
S - S	232	72.96	232.6	73.17	0.0017
F - S	79	24.84	77.8	24.47	0.0172
F - F	6	1.89	6.5	2.04	*
F0.5-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-F	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.35	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.5	1	0.31	0.9	0.28	*
sonstige	0	0.00	0.1	0.03	*0.0371
Total	318	100.00	317.9	99.99	*0.0560

Mattertal

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
C3					
S - S	175	71.14	175.0	71.14	0.0000
F - S	51	20.73	52.3	21.26	0.0318
F - F	5	2.03	3.9	1.58	*
F0.5-S	11	4.47	9.3	3.78	0.3108
F1.2-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-F	1	0.41	0.1	0.05	*
S-S0.35	2	0.81	1.7	0.69	*
S-S0.5	1	0.41	0.8	0.34	*
sonstige	0	0.00	2.9	1.17	*0.0170
Total	246	100.00	246.0	100.01	0.3596

Saastal

FG = 3 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
C3					
S - S	7	63.63	6.6	60.00	0.0242
F - S	2	18.18	3.1	28.18	*
F - F	1	9.09	0.4	3.64	*
F0.5-S	1	9.09	0.8	7.27	*
F1.2-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-F	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.35	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.5	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.1	0.91	*0.3636
Total	11	100.00	11.0	100.00	*0.3878

Visp

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
C3					
S - S	102	75.00	103.3	75.96	0.0150
F - S	32	23.53	29.6	21.76	*
F - F	1	0.73	2.1	1.54	*
F0.5-S	1	0.73	0.1	0.07	*
F1.2-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-F	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.35	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.5	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.9	0.66	*0.0474
Total	136	99.99	136	99.99	0.0625

Visperterminen

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
C3					
S - S	101	76.52	99.3	75.23	0.0286
F - S	25	18.94	28.6	21.67	0.4589
F - F	4	3.03	2.1	1.59	*
F0.5-S	2	1.50	1.7	1.28	*
F1.2-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-F	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.35	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.5	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.3	0.23	*0.8805
Total	132	99.99	132.0	100.00	1.3680

Stallden

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
C3					
S - S	11	50.00	12.4	56.34	0.1528
F - S	10	45.45	7.5	34.08	*
F - F	0	0.00	1.1	5.00	*
F0.5-S	1	4.55	0.8	3.63	*
F1.2-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-F	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.35	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.5	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.2	0.95	*0.1964
Total	22	100.00	22.0	100.00	0.3492

Stalldenried

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
C3					
S - S	37	86.04	36.3	84.42	0.0141
F - S	5	11.63	6.4	14.88	*
F - F	1	2.33	0.3	0.70	*
F0.5-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-F	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.35	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.5	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*0.0762
Total	43	100.00	43.0	100.00	0.0903

Embd

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
C3					
S - S	20	68.96	19.9	68.38	0.0009
F - S	8	27.59	8.3	28.52	*
F - F	1	3.45	0.9	3.10	*
F0.5-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-F	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.35	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.5	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*0.0021
Total	29	100.00	29.1	100.00	0.0030

Grächen

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
C3					
S - S	45	77.59	44.0	75.73	0.0241
F - S	11	18.96	13.1	22.55	*
F - F	2	3.45	1.0	1.72	*
F0.5-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-F	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.35	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.5	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*0.0755
Total	58	100.00	58.1	100.00	0.0996

Randa

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
C3					
S - S	58	65.91	59.7	67.92	0.0504
F - S	29	32.95	25.5	29.01	*
F - F	1	1.14	2.7	3.07	*
F0.5-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-F	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.35	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.5	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*0.1065
Total	88	100.00	87.9	100.00	0.1570

St. Niklaus

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
C3					
S - S	23	85.19	23.1	85.56	-
F - S	4	14.81	3.8	14.07	-
F - F	0	0.00	0.1	0.37	-
F0.5-S	0	0.00	0.0	0.00	-
F1.2-S	0	0.00	0.0	0.00	-
F1.2-F	0	0.00	0.0	0.00	-
S-S0.35	0	0.00	0.0	0.00	-
S-S0.5	0	0.00	0.0	0.00	-
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	27	100.00	27.0	100.00	-

Täsch

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
C3					
S - S	49	67.12	50.1	68.63	0.0261
F - S	22	31.14	19.9	27.26	*
F - F	1	1.37	2.0	2.74	*
F0.5-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-F	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.35	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.5	1	1.37	0.8	1.10	*
sonstige	0	0.00	0.2	0.27	*0.0573
Total	73	100.00	73.0	100.00	0.0834

Zermatt

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
S - S	15	68.18	15.6	71.23	0.0199
F - S	6	27.27	5.0	22.83	*
F - F	0	0.00	0.4	1.83	*
F0.5-S	1	4.55	0.8	3.65	*
F1.2-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-F	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.35	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.5	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.1	0.46	*0.0481
Total	22	100.00	21.9	100.00	0.0680

Eisten

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
S - S	54	73.97	54.4	74.42	0.0025
F - S	15	20.55	14.7	20.11	*
F - F	1	1.37	1.0	1.37	*
F0.5-S	3	4.11	2.6	3.56	*
F1.2-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-F	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.35	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.5	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.4	0.55	*0.0073
Total	73	100.00	73.1	100.01	0.0098

Saas Grund

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
C3					
S - S	74	74.74	71.3	72.02	0.1042
F - S	14	14.14	19.5	19.70	1.5619
F - F	4	4.04	1.3	1.31	*
F0.5-S	3	3.03	2.5	2.58	*
F1.2-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-F	1	1.01	0.1	0.12	*
S-S0.35	2	2.02	1.7	1.72	*
S-S0.5	1	1.01	0.8	0.84	*
sonstige	0	0.00	1.7	1.71	*0.5645
Total	99	99.99	98.9	100.00	2.2306

Saas Fee

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
C3					
S - S	9	64.28	9.4	67.14	0.0210
F - S	3	21.43	2.5	17.86	*
F - F	0	0.00	0.2	1.43	*
F0.5-S	2	14.28	1.6	11.43	*
F1.2-S	0	0.00	0.0	0.00	*
F1.2-F	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.35	0	0.00	0.0	0.00	*
S-S0.5	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.3	2.14	*0.0436
Total	14	99.99	14.0	100.00	0.0647

Saas Almagell

FG = 1 $p > 0.05$

A.3. Gruppenspezifische Komponente (GC).

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
GC					
1S - 1S	247	28.00	244.6	27.73	0.0238
1F - 1S	153	17.35	150.6	17.08	0.0389
1F - 1F	24	2.72	23.2	2.63	0.0293
2 - 1S	265	30.04	271.7	30.81	0.1657
2 - 1F	79	8.96	83.6	9.48	0.2573
2 - 2	83	9.41	75.5	8.56	0.7533
1F - 1C1	6	0.68	4.7	0.52	0.3596
1S - 1C1	13	1.47	15.2	1.72	0.3184
2 - 1C1	6	0.68	8.5	0.96	0.7353
1C1- 1C1	2	0.23	0.2	0.02	*
1S - 1C3	4	0.45	2.1	0.24	*
sonstige	0	0.00	2.1	0.24	*0.5818
Total	882	99.99	882.0	99.99	3.2634

Vispertäler

FG = 9

p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
GC					
1S - 1S	88	28.85	92.5	30.33	0.2219
1F - 1S	69	22.62	55.6	18.23	3.2081
1F - 1F	4	1.31	8.4	2.75	*
2 - 1S	90	29.51	93.1	30.52	0.1012
2 - 1F	23	7.54	28.0	9.18	0.8868
2 - 2	27	8.85	23.4	7.67	0.5531
1F - 1C1	1	0.33	0.7	0.23	*
1S - 1C1	1	0.33	2.2	0.72	*
2 - 1C1	2	0.66	1.1	0.36	*
1C1- 1C1	0	0.00	0.0	0.00	*
1S - 1C3	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.01	0.00	*1.5478
Total	305	100.00	305.01	99.99	6.5189

Visptal

FG = 5

p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
GC					
1S - 1S	86	26.87	81.51	25.47	0.2472
1F - 1S	52	16.25	56.01	17.50	0.2870
1F - 1F	12	3.75	9.62	3.01	0.5879
2 - 1S	93	29.06	98.94	30.92	0.3563
2 - 1F	33	10.31	33.99	10.62	0.0289
2 - 2	34	10.63	30.02	9.38	0.5230
1F - 1C1	2	0.63	1.56	0.49	*
1S - 1C1	5	1.56	4.55	1.42	0.0445
2 - 1C1	2	0.63	2.76	0.86	*
1C1- 1C1	0	0.00	0.0	0.00	*
1S - 1C3	1	0.31	0.48	0.15	*
sonstige	0	0.00	0.56	0.18	*0.0242
Total	320	100.00	320.0	100.00	2.0990

Mattertal

FG = 7 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
GC					
1S - 1S	73	28.40	70.9	27.59	0.0612
1F - 1S	32	12.45	38.9	15.14	1.2176
1F - 1F	8	3.11	5.3	2.06	1.3386
2 - 1S	82	31.91	79.8	31.05	0.0584
2 - 1F	23	8.95	21.9	8.52	0.0566
2 - 2	22	8.56	22.5	8.75	0.0099
1F - 1C1	3	1.17	2.2	0.84	*
1S - 1C1	7	2.72	7.9	3.07	0.0983
2 - 1C1	2	0.78	4.5	1.73	*
1C1- 1C1	2	0.78	0.2	0.08	*
1S - 1C3	3	1.17	1.5	0.61	*
sonstige	0	0.00	1.4	0.56	*0.0033
Total	257	100.00	257.0	100.00	2.8439

Saastal

FG = 7 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
GC					
1S - 1S	2	18.18	1.8	16.36	-
1F - 1S	3	27.27	2.9	26.36	-
1F - 1F	2	18.18	1.1	10.00	-
2 - 1S	2	18.18	2.5	22.73	-
2 - 1F	-	-	1.9	17.27	-
2 - 2	2	18.18	0.8	7.27	-
1F - 1C1	0	0.00	0.0	0.00	-
1S - 1C1	0	0.00	0.0	0.00	-
2 - 1C1	0	0.00	0.0	0.00	-
1C1- 1C1	0	0.00	0.0	0.00	-
1S - 1C3	0	0.00	0.0	0.00	-
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	11	99.99	11.0	99.99	-

Visp

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
GC					
1S - 1S	53	37.86	54.1	38.64	0.0208
1F - 1S	35	25.0	29.8	21.29	0.8990
1F - 1F	2	1.43	4.1	2.93	1.0855
2 - 1S	33	23.57	36.1	25.78	0.2582
2 - 1F	9	6.43	9.9	7.07	0.0896
2 - 2	8	5.71	6.0	4.29	*0.6586
1F - 1C1	0	0.00	0.0	0.00	*
1S - 1C1	0	0.00	0.0	0.00	*
2 - 1C1	0	0.00	0.0	0.00	*
1C1- 1C1	0	0.00	0.0	0.00	*
1S - 1C3	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*
Total	140	100.00	140.0	100.00	3.0117

Visperterminen

FG = 5

p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
GC					
1S - 1S	27	20.45	32.5	24.62	0.9309
1F - 1S	27	20.45	19.9	15.08	2.5788
1F - 1F	0	0.00	3.0	2.27	*
2 - 1S	50	37.88	44.7	33.86	0.6393
2 - 1F	12	9.09	13.6	10.30	0.1960
2 - 2	13	9.85	15.3	11.59	0.3570
1F - 1C1	1	0.75	0.5	0.38	*
1S - 1C1	0	0.00	1.49	1.13	*
2 - 1C1	2	1.52	1.0	0.76	*
1C1- 1C1	0	0.00	0.01	0.00	*
1S - 1C3	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*1.5166
Total	132	99.99	132.0	100.00	6.2186

Stallden

FG = 5

p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
GC					
1S - 1S	6	27.27	5.5	24.89	0.0455
1F - 1S	4	18.18	3.0	13.62	*
1F - 1F	0	0.00	0.4	1.82	*
2 - 1S	5	22.72	7.5	34.06	0.8333
2 - 1F	2	9.09	2.0	9.08	*
2 - 2	4	18.18	2.6	11.81	*
1F - 1C1	0	0.00	0.2	0.91	*
1S - 1C1	1	4.55	0.5	2.27	*
2 - 1C1	0	0.00	0.3	1.36	*
1C1- 1C1	0	0.00	0.02	0.09	*
1S - 1C3	0.00	0.0	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*
Total	22	99.99	22.02	100.00	1.3134

Stalldenried

FG = 2

p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
GC					
1S - 1S	8	18.60	7.1	16.51	0.1141
1F - 1S	4	9.30	4.1	9.53	*
1F - 1F	2	4.65	0.6	1.40	*
2 - 1S	14	32.56	16.3	37.91	0.3246
2 - 1F	2	4.65	4.7	10.93	1.5511
2 - 2	12	27.91	9.3	21.63	0.7839
1F - 1C1	0	0.00	0.0	0.00	*
1S - 1C1	0	0.00	0.0	0.00	*
2 - 1C1	0	0.00	0.0	0.00	*
1C1- 1C1	0	0.00	0.0	0.00	*
1S - 1C3	1	2.33	0.4	0.93	*
sonstige	0	0.00	0.5	1.16	*0.7438
Total	43	100.00	43.0	100.00	3.5175

Embd

FG = 4 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
GC					
1S - 1S	5	17.24	5.0	17.18	0.0000
1F - 1S	2	6.90	4.6	15.81	1.4314
1F - 1F	2	6.90	1.0	3.44	*
2 - 1S	12	41.38	9.5	32.65	0.6483
2 - 1F	5	17.24	4.4	15.12	*
2 - 2	3	10.34	4.6	15.81	0.5332
1F - 1C1	0	0.00	0.0	0.00	*
1S - 1C1	0	0.00	0.0	0.00	*
2 - 1C1	0	0.00	0.0	0.00	*
1C1- 1C1	0	0.00	0.0	0.00	*
1S - 1C3	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*0.4699
Total	29	100.00	29.1	100.01	3.0828

Grächen

FG = 3 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
GC					
1S - 1S	14	24.14	15.5	25.72	0.1479
1F - 1S	7	12.07	7.2	12.41	0.0080
1F - 1F	0	0.00	0.8	1.38	*
2 - 1S	21	36.21	19.7	33.97	0.0921
2 - 1F	7	12.07	4.6	7.93	*
2 - 2	5	8.62	6.2	10.69	0.2409
1F - 1C1	0	0.00	0.5	0.86	*
1S - 1C1	4	6.90	2.1	3.62	*
2 - 1C1	0	0.00	1.3	2.24	*
1C1- 1C1	0	0.00	0.1	0.17	*
1S - 1C3	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*0.2723
Total	58	100.01	58.0	99.99	0.7612

Randa

FG = 4 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
GC					
1S - 1S	41	46.59	36.9	41.93	0.4515
1F - 1S	17	19.32	16.8	19.09	0.0016
1F - 1F	2	2.27	1.9	2.16	*
2 - 1S	15	17.04	22.7	25.80	2.5871
2 - 1F	5	5.68	5.2	5.91	0.0077
2 - 2	7	7.95	3.5	3.98	*
1F - 1C1	0	0.00	0.2	0.23	*
1S - 1C1	0	0.00	0.6	0.68	*
2 - 1C1	1	1.14	0.2	0.23	*
1C1- 1C1	0	0.00	0.0	0.00	*
1S - 1C3	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*2.0250
Total	88	99.99	88.0	100.01	5.0729

St. Niklaus

FG = 4 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
GC					
1S - 1S	7	25.93	6.3	23.25	0.0875
1F - 1S	5	18.52	6.3	23.25	0.2530
1F - 1F	1	3.70	1.60	5.9	*
2 - 1S	6	22.22	5.3	19.56	0.0935
2 - 1F	4	14.81	2.6	9.59	*
2 - 2	0	0.00	1.1	4.06	*
1F - 1C1	2	7.41	0.9	3.32	*
1S - 1C1	1	3.70	1.9	7.01	*
2 - 1C1	1	3.70	0.8	2.95	*
1C1- 1C1	0	0.00	0.3	1.10	*
1S - 1C3	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*0.0435
Total	27	99.99	27.1	99.99	0.4775

Täsch

FG = 3 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
GC					
1S - 1S	10	13.33	13.2	17.60	0.7886
1F - 1S	17	22.67	15.5	20.67	0.1368
1F - 1F	5	6.67	4.6	6.13	*
2 - 1S	25	33.33	20.6	27.47	0.9513
2 - 1F	10	13.33	12.1	16.13	0.3600
2 - 2	7	9.33	8.0	10.67	0.1250
1F - 1C1	0	0.00	0.3	0.40	*
1S - 1C1	1	1.33	0.4	0.53	*
2 - 1C1	0	0.00	0.3	0.40	*
1C1- 1C1	0	0.00	0.0	0.00	*
1S - 1C3	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*0.0286
Total	75	99.99	75.0	100.00	2.3903

Zermatt

FG = 5 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
GC					
1S - 1S	3	13.64	6.0	27.27	1.5081
1F - 1S	6	27.27	4.2	19.09	*
1F - 1F	1	4.54	0.7	3.18	*
2 - 1S	11	50.00	6.8	30.91	**
2 - 1F	0	0.00	2.4	10.91	*0.9953
2 - 2	1	4.54	1.9	8.64	**
1F - 1C1	0	0.00	0.0	0.00	**
1S - 1C1	0	0.00	0.0	0.00	**
2 - 1C1	0	0.00	0.0	0.00	**
1C1- 1C1	0	0.00	0.0	0.00	**
1S - 1C3	0	0.00	0.0	0.00	**
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	**0.0102
Total	22	99.99	22.0	100.00	2.51365

Eisten

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
GC					
1S - 1S	12	31.58	11.1	29.13	0.0798
1F - 1S	3	7.89	3.8	9.97	*
1F - 1F	1	2.63	0.3	0.79	*
2 - 1S	13	34.21	14.6	38.32	0.1679
2 - 1F	2	5.26	2.5	6.56	*
2 - 2	6	15.79	4.8	12.60	0.3032
1F - 1C1	0	0.00	0.1	0.26	*
1S - 1C1	1	2.63	0.5	1.31	*
2 - 1C1	0	0.00	0.4	1.05	*
1C1- 1C1	0	0.00	0.0	0.00	*
1S - 1C3	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*0.0446
Total	38	99.99	38.1	99.99	0.5955

Saas Balen

FG = 3 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
GC					
1S - 1S	19	22.62	19.1	22.74	0.0005
1F - 1S	8	9.52	14.3	17.02	2.7755
1F - 1F	4	4.78	2.7	3.21	*
2 - 1S	26	30.95	20.5	24.40	1.4756
2 - 1F	12	14.29	7.7	9.16	2.4013
2 - 2	2	2.38	5.5	6.55	2.2273
1F - 1C1	2	2.38	2.1	2.50	*
1S - 1C1	5	5.95	5.7	6.79	0.0860
2 - 1C1	1	1.19	3.1	3.69	*
1C1- 1C1	2	2.38	0.4	0.48	*
1S - 1C3	3	3.57	1.4	1.67	*
sonstige	0	0.00	1.5	1.79	*0.0571
Total	84	100.01	84.0	100.0	9.0233

Saas Grund

FG = 6 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
GC					
1S - 1S	35	35.35	32.8	33.13	0.1444
1F - 1S	12	12.12	12.7	12.83	0.0351
1F - 1F	1	1.01	1.2	1.21	*
2 - 1S	30	30.30	33.4	33.74	0.3448
2 - 1F	7	7.07	6.4	6.46	0.0563
2 - 2	10	10.10	8.5	8.59	0.2673
1F - 1C1	1	1.01	0.4	0.40	*
1S - 1C1	2	2.02	2.3	2.32	*
2 - 1C1	1	1.01	1.2	1.21	*
1C1- 1C1	0	0.00	0.1	0.10	*
1S - 1C3	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*0.0077
Total	99	99.99	99.0	99.99	0.8556

Saas Fee

FG = 5 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GC	n	%	n	%	
1S - 1S	3	21.43	1.8	12.86	-
1F - 1S	3	21.43	2.7	19.29	-
1F - 1F	1	7.14	0.9	6.43	-
2 - 1S	2	14.28	3.9	27.86	-
2 - 1F	2	14.28	2.5	17.86	-
2 - 2	3	21.43	2.2	15.71	-
1F - 1C1	0	0.00	0.0	0.00	-
1S - 1C1	0	0.00	0.0	0.00	-
2 - 1C1	0	0.00	0.0	0.00	-
1C1- 1C1	0	0.00	0.0	0.00	-
1S - 1C3	0	0.00	0.0	0.00	-
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	14	99.99	14.0	100.10	-

Saas Almagell

FG = -

A.4. Haptoglobin (HP).

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
HP	n	%	n	%	
1 - 1	188	21.41	181.8	20.71	0.2137
2 - 1	423	48.18	435.4	49.59	0.3556
2 - 2	267	30.41	260.8	29.70	0.1480
Total	878	100.00	878.0	100.00	0.7173

Vispertäler

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
HP	n	%	n	%	
1 - 1	63	20.72	63.1	20.76	0.0002
2 - 1	151	49.67	150.8	49.60	0.0000
2 - 2	90	29.61	90.1	29.64	0.0000
Total	304	100.00	304.0	100.00	0.0002

Visptal

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
HP	n	%	n	%	
1 - 1	43	13.56	43.2	13.63	0.0008
2 - 1	148	46.69	147.6	46.56	0.0009
2 - 2	126	39.75	126.2	39.81	0.0002
Total	317	100.00	317.0	100.00	0.0019

Mattertal

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
HP	n	%	n	%	
1 - 1	82	31.91	80.7	31.40	0.0215
2 - 1	124	48.25	126.6	49.26	0.0547
2 - 2	51	19.84	49.7	19.34	0.0341
Total	257	100.00	257.0	100.00	0.1109

Saastal

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
HP	n	%	n	%	
1 - 1	3	30.00	3.6	36.00	*
2 - 1	6	60.00	4.8	48.00	0.3000
2 - 2	1	10.00	1.6	16.00	*0.2769
Total	10	100.00	10.0	100.00	0.5769

Visp

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
HP	n	%	n	%	
1 - 1	24	17.14	23.2	16.57	0.0274
2 - 1	66	47.14	67.6	48.29	0.0371
2 - 2	50	35.71	49.2	35.14	0.0125
Total	140	99.99	140.0	100.00	0.0770

Visperterminen

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
HP	n	%	n	%	
1 - 1	24	18.18	28.2	21.36	0.6219
2 - 1	74	56.06	65.6	49.70	1.0700
2 - 2	34	25.76	38.2	28.94	0.4602
Total	132	100.00	132.0	100.00	2.1521

Stalden

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
HP	n	%	n	%	
1 - 1	12	54.54	9.6	43.64	0.6244
2 - 1	5	22.73	9.8	44.54	*
2 - 2	5	22.73	2.6	11.82	*0.4796
Total	22	100.00	22.0	100.00	1.1041

Staldenried

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
HP	n	%	n	%	
1 - 1	6	14.28	5	11.90	0.1979
2 - 1	17	40.48	19	45.24	0.2080
2 - 2	19	45.24	18	42.86	0.0546
Total	42	100.00	42	100.00	0.4605

Embd

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
HP	n	%	n	%	
1 - 1	5	17.86	5.1	18.21	0.0041
2 - 1	14	50.00	13.7	48.93	0.0059
2 - 2	9	32.14	9.2	15.86	0.0022
Total	28	100.00	28.0	100.00	0.0122

Grächen

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
HP	n	%	n	%	
1 - 1	3	5.17	5.6	9.65	1.1962
2 - 1	30	51.72	24.8	42.76	1.0785
2 - 2	25	43.10	27.6	47.59	0.2431
Total	58	99.99	58.0	100.00	2.5178

Randa

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
HP	n	%	n	%	
1 - 1	14	15.91	11.6	13.18	0.4812
2 - 1	36	40.91	40.8	46.36	0.5483
2 - 2	38	43.18	35.6	40.45	0.1562
Total	88	100.00	88.0	99.99	1.1857

St. Niklaus

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	6	22.22	6.8	25.19	0.0833
2 - 1	15	55.56	13.5	50.00	0.1667
2 - 2	6	22.22	6.7	24.81	0.0833
Total	27	100.00	27.0	100.00	0.3333

Täsch

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	9	12.00	9.7	12.9	0.0505
2 - 1	36	48.00	34.6	46.1	0.0566
2 - 2	30	40.00	30.7	40.9	0.0160
Total	75	100.00	75.0	99.99	0.1235

Zermatt

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	9	40.91	8.9	40.45	0.0009
2 - 1	10	45.45	10.2	46.36	*
2 - 2	3	13.64	2.9	13.18	*0.0006
Total	22	100.00	22.0	99.99	0.0015

Eisten

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
HP	n	%	n	%	
1 - 1	17	44.74	16.5	43.42	0.0186
2 - 1	16	42.10	17.1	45.00	0.0708
2 - 2	5	13.16	4.4	11.58	0.0694
Total	38	100.00	38.0	100.00	0.1588

Saas Balen

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
HP	n	%	n	%	
1 - 1	24	28.57	26.9	32.02	0.3126
2 - 1	47	55.95	41.3	49.17	0.7867
2 - 2	13	15.48	15.8	18.81	0.4962
Total	84	100.00	84.0	100.00	1.5955

Saas Grund

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
HP	n	%	n	%	
1 - 1	28	28.28	25.8	26.06	0.1948
2 - 1	45	45.46	49.4	49.90	0.4056
2 - 2	26	26.26	23.8	24.04	0.2111
Total	99	100.00	99.0	100.00	0.8115

Saas Fee

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
HP	n	%	n	%	
1 - 1	4	28.57	3.5	25.00	*
2 - 1	6	42.86	7.0	50.00	0.1429
2 - 2	4	28.57	3.5	25.00	*0.1429
Total	14	100.00	14.0	100.00	0.2858

Saas Almagell

FG = 1 $p > 0.05$

A.5. Saure Erythrozyten-Phosphatase (ACP).

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ACP					
B	421	47.49	414.1	47.00	0.1150
AB	341	38.71	352.4	40.00	0.3688
A	79	8.97	75.0	8.51	0.2133
BC	25	2.83	27.4	3.11	0.2102
AC	15	1.70	11.7	1.33	*
C	0	0.00	0.4	0.05	*0.6950
Total	881	100.00	881.0	100.00	1.6023

Vispertäler

FG = 4 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ACP					
B	107	34.97	108.3	35.39	0.0146
AB	138	45.10	136.7	44.67	0.7552
A	43	14.05	43.2	14.12	0.0011
BC	12	3.92	10.7	3.50	0.1574
AC	6	1.96	6.8	2.22	*
C	0	0.00	0.3	0.10	*0.1499
Total	306	100.00	306.0	100.00	0.3335

Visptal

FG = 4 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ACP					
B	172	54.09	168.5	52.99	0.0712
AB	109	34.28	113.6	35.72	0.1844
A	20	6.29	19.1	6.01	0.0391
BC	10	3.14	12.4	3.90	0.4514
AC	7	2.20	4.2	1.32	*
C	0	0.00	0.2	0.06	*1.9170
Total	318	100.00	318.0	100.00	2.6632

Mattertal

FG = 4 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ACP					
B	142	55.25	141.2	54.94	0.0042
AB	94	36.58	94.9	36.93	0.0081
A	16	6.23	15.9	6.19	0.0003
BC	3	1.16	3.7	1.44	*
AC	2	0.78	1.3	0.51	*
C	0	0.00	0.02	0.00	*0.0003
Total	257	100.00	257.02	100.01	0.0129

Saastal

FG = 3 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ACP					
B	6	50.00	6.0	49.92	0.0000
AB	4	33.33	4.2	34.94	0.0095
A	1	8.33	0.8	6.66	*
BC	1	8.33	0.7	5.82	*
AC	0	0.00	0.3	2.50	*
C	0	0.00	0.02	0.17	*0.0176
Total	12	99.99	12.02	100.01	0.0271

Visp

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ACP	n	%	n	%	
B	50	35.71	46.9	33.50	0.2092
AB	59	42.14	64.7	46.21	0.5197
A	25	17.86	22.4	16.00	0.3018
BC	3	2.14	3.5	2.50	*
AC	3	2.14	2.4	1.71	*
C	0	0.00	0.1	0.07	0.0009
Total	140	100.00	140.0	99.99	1.0315

Visperterminen

FG = 3 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ACP	n	%	n	%	
B	45	34.09	48.5	36.74	0.2491
AB	62	46.97	56.4	42.73	0.5639
A	14	10.61	16.4	12.42	0.3467
BC	8	6.06	6.7	5.08	0.2646
AC	3	2.27	3.8	2.88	*
C	0	0.00	0.2	0.15	*0.2988
Total	132	100.00	132.0	100.00	1.7231

Stalden

FG = 4 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ACP	n	%	n	%	
B	6	27.27	7.1	32.27	0.1712
AB	13	59.09	10.8	49.09	0.4502
A	3	13.64	4.1	18.64	0.2960
BC	0	0.00	0.0	0.00	0.0000
AC	0	0.00	0.0	0.00	0.0000
C	0	0.00	0.0	0.00	0.0000
Total	22	100.00	22.0	100.00	0.9175

Staldenried

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ACP	n	%	n	%	
B	25	58.14	26.9	62.56	0.1320
AB	17	39.53	13.4	31.16	*
A	0	0.00	1.7	3.95	*
BC	1	2.32	0.8	1.86	*
AC	0	0.00	0.2	0.46	*
C	0	0.00	0.01	0.01	*0.2202
Total	43	99.99	43.01	100.00	0.3522

Embd

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ACP	n	%	n	%	
B	17	58.62	14.5	50.00	0.4342
AB	5	17.24	8.5	29.31	1.4300
A	2	6.90	1.2	4.48	*
BC	2	6.90	3.5	12.07	*
AC	3	10.34	1.0	3.45	*
C	0	0.00	0.2	0.69	*0.1576
Total	29	100.00	29.9	100.00	2.0228

Grächen

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ACP	n	%	n	%	
B	33	56.90	32.6	56.20	0.0043
AB	21	36.21	21.0	36.21	0.0000
A	3	5.17	3.4	5.86	*
BC	0	0.00	0.8	1.38	*
AC	1	1.72	0.2	0.34	*
C	0	0.00	0.0	0.00	*0.0898
Total	58	100.00	58.0	100.00	0.0941

Randa

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ACP					
B	47	54.65	48.4	56.27	0.0391
AB	33	38.37	30.0	34.88	0.2989
A	3	3.49	4.7	5.46	*
BC	2	2.33	2.2	2.56	0.3443
AC	1	1.16	0.7	0.82	*
C	0	0.00	0.02	0.00	0.3443
Total	86	100.00	86.02	99.99	0.6822

St. Niklaus

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ACP					
B	11	40.74	10.7	39.63	0.0083
AB	9	33.33	10.7	39.63	0.2709
A	4	14.81	2.7	10.00	*
BC	3	11.11	1.9	7.04	*
AC	0	0.00	0.9	3.33	*
C	0	0.00	0.1	0.37	0.3530
Total	27	99.99	27	100.00	0.6322

Täsch

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ACP					
B	39	52.00	36.0	48.00	0.2414
AB	24	32.00	29.1	38.80	0.8998
A	8	10.67	5.9	7.87	*
BC	2	2.67	2.8	3.73	*
AC	2	2.67	1.1	1.47	*
C	0	0.00	0.1	0.13	*1.5480
Total	75	100.01	75.0	100.00	2.6892

Zermatt

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ACP					
B	10	45.45	10.9	49.54	0.0779
AB	11	50.00	9.2	41.82	*
A	1	4.54	1.9	8.64	*
BC	0	0.00	0.0	0.00	*
AC	0	0.00	0.0	0.00	*
C	0	0.00	0.0	0.00	*0.1546
Total	22	99.99	22.0	100.00	0.1546

Eisten

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ACP					
B	25	65.79	22.9	60.26	0.1925
AB	9	23.68	13.2	34.74	*
A	4	10.52	1.9	5.00	*
BC	0	0.00	0.0	0.00	*0.0000
AC	0	0.00	0.0	0.00	*0.0000
C	0	0.00	0.0	0.00	*0.2920
Total	38	99.99	38.0	100.00	0.4845

Saas Balen

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ACP					
B	55	65.48	55.0	65.48	0.0000
AB	24	28.57	22.7	27.02	0.0780
A	1	1.19	2.3	2.74	*
BC	2	2.38	3.2	3.81	*
AC	2	2.38	0.7	0.83	*
C	0	0.00	0.1	0.12	*0.2628
Total	84	100.00	84.0	100.00	0.3408

Saas Grund

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ACP					
B	46	46.46	46.7	47.17	0.0108
AB	43	43.43	41.9	42.32	0.0287
A	9	9.09	9.4	9.49	*
BC	1	1.01	0.3	0.30	*
AC	0	0.00	0.7	0.71	*
C	0	0.00	0.002	0.00	*0.0143
Total	99	99.99	99.002	100.00	0.0538

Saas Fee

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ACP					
B	7	50.00	7.1	50.71	0.0029
AB	6	42.86	5.8	41.43	*
A	1	7.14	1.1	7.86	*
BC	0	0.00	0.0	0.00	*
AC	0	0.00	0.0	0.00	*
C	0	0.00	0.0	0.00	*0.0030
Total	14	100.00	14.0	100.00	0.0059

Saas Almagell

FG = 1 $p > 0.05$

A.6. Adenosindesaminase (ADA).

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ADA					
1 - 1	775	87.77	777.4	88.04	0.0074
2 - 1	107	12.12	102.2	11.57	*
2 - 2	1	0.11	3.4	0.39	*0.0545
Total	883	100.00	883.0	100.00	0.0619

Vispertäler

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ADA					
1 - 1	277	90.52	277.7	90.75	0.0017
2 - 1	29	9.48	27.6	9.02	*
2 - 2	0	0.0	0.7	0.23	*0.0163
Total	306	100.00	306.0	100.00	0.0179

Visptal

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ADA					
1 - 1	265	82.81	267.4	835.6	0.0213
2 - 1	55	17.19	50.2	15.7	*
2 - 2	0	0.00	2.4	0.7*0.1081	
Total	320	100.00	320.0	100.00	0.1294

Mattertal

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ADA	n	%	n	%	
1 - 1	233	90.66	232.6	90.51	0.0006
2 - 1	23	8.95	23.8	9.26	*
2 - 2	1	0.39	0.6	0.23	*0.0057
Total	257	100.00	257.0	100.00	0.0063

Saastal

FG = 1 p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ADA	n	%	n	%	
1 - 1	10	83.33	10.1	84.17	0.0010
2 - 1	2	16.67	1.8	15.00	*
2 - 2	0	0.00	0.1	0.83	*0.0053
Total	12	100.00	12.0	100.00	0.0063

Visp

FG = 1 p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ADA	n	%	n	%	
1 - 1	123	87.86	123.5	88.21	0.0022
2 - 1	17	12.14	16.0	11.43	*
2 - 2	0	0.0	0.5	0.36	*0.0164
Total	140	100.00	140	100.00	0.0186

Visperterminen

FG = 1 p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	122	92.42	122.2	92.58	0.0003
2 - 1	10	7.58	9.6	7.27	*
2 - 2	0	0.0	0.2	0.15	*0.0034
Total	132	100.00	132	100.00	0.0037

Stalden

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	22	100.00	22.0	100.00	-
2 - 1	0	0.00	0.0	0.00	-
2 - 2	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	22	100.00	22.0	100.00	-

Staldenried

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	35	81.40	35.4	82.33	0.0040
2 - 1	8	18.60	7.2	16.74	*
2 - 2	0	0.00	0.93	*0.0183	
Total	43	100.00	43.0	100.00	0.0223

Embd

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	27	93.10	27.0	93.10	-
2 - 1	2	6.90	1.9	6.55	-
2 - 2	0	0.00	0.1	0.35	-
Total	29	100.00	29.0	100.00	

Grächen

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	41	70.69	42.2	72.76	0.0365
2 - 1	17	29.31	14.5	25.00	*
2 - 2	0	0.00	1.3	2.24	*0.0977
Total	58	100.00	58.0	100.00	0.1342

Randa

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	74	84.09	74.6	84.77	0.0043
2 - 1	14	15.91	12.9	14.66	*
2 - 2	0	0.00	0.5	0.57	*0.0237
Total	88	100.00	88.0	100.00	0.0280

St. Niklaus

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ADA	n	%	n	%	
1 - 1	21	77.78	21.3	78.89	0.0052
2 - 1	6	22.22	5.4	20.00	*
2 - 2	0	0.00	0.3	1.11	*0.0197
Total	27	100.00	27.0	100.00	0.0249

Täsch

FG = 1 p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ADA	n	%	n	%	
1 - 1	67	89.33	67.2	89.60	0.0007
2 - 1	8	10.67	7.6	10.13	*
2 - 2	0	0.00	0.2	0.27	*0.0061
Total	75	100.00	75.0	0.00	0.0068

Zermatt

FG = 1 p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ADA	n	%	n	%	
1 - 1	21	95.45	21.0	95.45	-
2 - 1	1	4.55	1.0	4.55	-
2 - 2	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	22	100.00	22.0	100.00	-

Eisten

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ADA					
1 - 1	29	76.32	29.5	77.63	0.0097
2 - 1	9	23.68	7.9	20.79	*
2 - 2	0	0.00	0.6	1.58	*0.0337
Total	38	100.00	38	100.00	0.0434

Saas Balen

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ADA					
1 - 1	77	91.67	77.2	91.90	0.0003
2 - 1	7	8.33	6.7	7.98	*
2 - 2	0	0.00	0.1	0.12	*0.0029
Total	84	100.00	84.0	100.00	0.0032

Saas Grund

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
ADA					
1 - 1	95	95.96	95.0	95.96	0.0000
2 - 1	4	4.04	3.9	3.94	*
2 - 2	0	0.00	0.1	0.10	*0.0000
Total	99	100.00	99.0	100.00	0.0000

Saas Fee

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	12	85.71	12.1	86.43	-
2 - 1	2	14.29	1.8	13.70	-
2 - 2	0	0.00	0.1	0.70	-
Total	14	100.00	14	100.00	-

Saas Almagell

FG = -

A.7. Adenylatkinase (AK)

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AK	n	%	n	%	
1 - 1	748	84.71	747.7	84.68	0.0001
2 - 1	129	14.61	129.7	14.69	0.0036
2 - 2	6	0.68	5.6	0.63	0.0253
Total	883	100.00	883.0	100.00	0.0290

Vispertäler

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AK	n	%	n	%	
1 - 1	276	90.20	274.8	89.83	0.0050
2 - 1	28	9.15	30.30	9.90	*
2 - 2	2	0.65	0.8	0.26	*0.0440
Total	306	100.00	305.9	99.99	0.0490

Visptal

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AK	n	%	n	%	
1 - 1	273	85.31	273.8	85.56	0.0023
2 - 1	46	14.38	44.4	13.88	*
2 - 2	1	0.31	1.8	0.56	*0.0139
Total	320	100.00	320	100.00	0.0162

Mattertal

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AK	%	n	%		
1 - 1	199	77.43	199.6	77.67	0.0019
2 - 1	55	21.40	53.8	20.93	*
2 - 2	3	1.17	3.6	1.40	*0.0065
Total	257	100.00	257	100.00	0.0084

Saastal

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AK	n	%	n	%	
1 - 1	12	100.00	11.0	91.51	-
2 - 1	0	0.00	1.0	8.32	-
2 - 2	0	0.00	0.02	0.17	-
Total	12	100.00	12.02	100.00	-

Visp

FG = - $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AK	n	%	n	%	
1 - 1	130	92.86	130.2	93.00	0.0003
2 - 1	10	7.14	9.6	6.86	*
2 - 2	0	0.00	0.2	0.14	*0.0034
Total	140	100.00	140.0	100.00	0.0037

Visperterminen

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AK	n	%	n	%	
1 - 1	117	88.64	116.5	88.26	0.0023
2 - 1	14	10.61	15.0	11.36	*
2 - 2	1	0.75	0.5	0.38	*0.0170
Total	132	100.00	132	100.00	0.0193

Stalden

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AK	n	%	n	%	
1 - 1	22	100.00	22.0	100.00	-
2 - 1	0	0.00	0.0	0.00	-
2 - 2	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	22	100.00	22.0	100.00	-

Staldenried $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AK	n	%	n	%	
1 - 1	35	81.40	35.4	82.32	0.0000
2 - 1	8	18.60	7.3	16.98	*
2 - 2	0	0.00	0.3	0.70	*0.0183
Total	43	100.00	43.0	100.00	0.0183

Embd

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	21	72.41	20.7	71.38	0.0044
2 - 1	7	24.14	7.6	26.21	*
2 - 2	1	3.45	0.7	2.41	*0.0111
Total	29	100.00	29.0	100.00	0.0155

Grächen

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	47	81.03	47.5	81.90	0.0058
2 - 1	11	18.97	10.0	17.24	*
2 - 2	0	0.00	0.5	0.86	*0.0263
Total	58	100.00	58	100.00	0.0320

Randa

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	79	89.77	79.2	90.00	0.0007
2 - 1	9	10.23	8.5	9.66	*
2 - 2	0	0.00	0.3	0.34	*0.0064
Total	88	100.00	87.9	100.00	0.0071

St. Niklaus

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	20	74.07	20.4	75.56	0.0101
2 - 1	7	25.93	6.1	22.59	*
2 - 2	0	0.00	0.5	1.85	*0.0316
Total	27	100.00	27.0	100.00	0.0417

Täsch

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	71	94.67	71.0	94.67	0.0000
2 - 1	4	5.33	3.9	5.20	*
2 - 2	0	0.00	0.1	0.13	*0.0006
Total	75	100.00	75.0	100.00	0.0006

Zermatt

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	15	68.18	15.6	70.91	0.0199
2 - 1	7	31.82	5.8	26.36	*
2 - 2	0	0.00	0.6	2.73	*0.0481
Total	22	100.00	22.0	100.00	0.0680

Eisten

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AK	n	%	n	%	
1 - 1	28	73.68	28.6	75.26	0.0150
2 - 1	10	26.32	8.7	22.89	*
2 - 2	0	0.00	0.7	1.84	*0.0461
Total	38	100.00	38.0	99.99	0.0612

Saas Balen

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AK	n	%	n	%	
1 - 1	63	75.0	63.4	75.48	0.0030
2 - 1	20	23.81	19.2	22.86	*
2 - 2	1	1.19	1.4	1.66	*0.0091
Total	84	100.00	84.0	100.00	0.0121

Saas Grund

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ak	n	%	n	%	
1 - 1	82	82.83	80.9	81.72	0.0148
2 - 1	15	15.15	17.2	*	
2 - 2	2	2.02	0.9	0.91	*0.0063
Total	99	100.00	99.0	100.00	0.0812

Saas Fee

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AK	n	%	n	%	
1 - 1	11	78.57	11.2	80.00	-
2 - 1	3	21.43	2.6	18.57	-
2 - 2	0	0.00	0.2	1.43	-
Total	14	100.00	14.0	100.00	-

Saas Almagell

FG = 1 $p > 0.05$

A.8. Amylase-2 (AMY-2)

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AMY-2	n	%	n	%	
1 - 1	769	89.21	769.6	89.28	0.0005
2 - 1	91	10.56	89.8	10.42	*
2 - 2	2	0.23	2.6	0.30	*0.0042
Total	862	100.00	862.0	100.00	0.0047

Vispertäler

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AMY-2	n	%	n	%	
1 - 1	261	89.69	261.7	89.93	0.0021
2 - 1	30	10.31	28.5	9.79	*
2 - 2	0	0.00	0.8	0.28	*0.0189
Total	291	99.99	291.0	100.00	0.0210

Visptal

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AMY-2	n	%	n	%	
1 - 1	277	86.56	276.6	86.44	0.0006
2 - 1	41	12.81	41.8	13.06	*
2 - 2	2	0.63	1.6	0.50	0.0039
Total	320	100.00	320.0	100.00	0.0045

Mattertal

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AMY-2	n	%	n	%	
1 - 1	231	92.03	231.4	92.19	0.0008
2 - 1	20	7.97	19.2	7.65	*
2 - 2	0	0.00	0.4	0.16	*0.0089
Total	251	100.00	251.0	100.00	0.0097

Saastal

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AMY-2	n	%	n	%	
1 - 1	7	100.00	7.0	100.00	-
2 - 1	0	0.00	0.0	0.00	-
2 - 2	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	7	100.00	7.0	100.00	-

Visp

FG= -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AMY-2	n	%	n	%	
1 - 1	123	91.11	123.3	91.33	0.0006
2 - 1	12	8.89	11.5	8.52	*
2 - 2	0	0.00	0.2	0.15	*0.0066
Total	135	100.00	135.0	100.00	0.0072

Visperterminen

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AMY-2	n	%	n	%	
1 - 1	113	87.60	113.5	87.98	0.0022
2 - 1	16	12.40	15.0	11.63	*
2 - 2	0	0.00	0.5	0.38	*0.0161
Total	129	100.00	129.0	100.00	0.0183

Stalden

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AMY-2	n	%	n	%	
1 - 1	18	90.0	18.1	90.5	-
2 - 1	2	10.0	1.8	9.0	-
2 - 2	0	0.00	0.1	0.5	-
Total	22	100.00	22.0	100.00	-

Staldenried

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AMY-2	n	%	n	%	
1 - 1	37	86.05	36.3	84.42	0.0141
2 - 1	5	11.63	6.4	14.88	*
2 - 2	1	2.32	0.3	0.70	*0.0762
Total	43	100.00	43.0	100.00	0.0903

Embd

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	25	89.29	25.1	89.64	-
2 - 1	3	10.71	2.8	10.00	-
2 - 2	0	0.00	0.1	0.36	-
Total	28	100.00	28.0	100.00	-

Grächen

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	45	77.59	45.7	78.79	0.0115
2 - 1	13	22.41	11.5	19.83	*
2 - 2	0	0.00	0.8	1.38	*0.0429
Total	58	100.00	58.0	100.00	0.0544

Randa

FG = 1 p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	79	90.80	78.2	89.90	0.0074
2 - 1	7	8.05	8.5	9.77	*
2 - 2	1	1.15	0.2	0.23	*0.0665
Total	87	100.00	86.9	100.00	0.07379

St. Niklaus

FG = 1 p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	21	77.78	21.4	79.26	0.0052
2 - 1	6	22.22	5.3	19.63	*
2 - 2	0	0.00	0.3	1.11	*0.0197
Total	27	100.00	27.0	100.00	0.0249

Täsch

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	74	98.66	73.99	98.65	-
2 - 1	1	1.34	1.00	1.32	-
2 - 2	0	0.00	0.003	0.00	-
Total	75	100.00	74.993	100.00	-

Zermatt

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	19	86.36	19.1	86.82	-
2 - 1	3	13.64	2.8	12.73	-
2 - 2	0	0.00	0.1	0.45	-
Total	22	100.00	22.0	100.00	-

Eisten

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AMY-2	n	%	n	%	
1 - 1	34	89.47	34.1	89.74	-
2 - 1	4	10.53	3.8	0.10	-
2 - 2	0	0.00	0.1	0.26	-
Total	38	100.00	38.0	100.00	-

Saas Balen

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AMY-2	n	%	n	%	
1 - 1	76	96.20	76.0	96.29	-
2 - 1	3	3.80	2.9	3.67	-
2 - 2	0	0.00	0.03	0.04	-
Total	79	100.00	78.93	100.00	-

Saas Grund

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
AMY-2	n	%	n	%	
1 - 1	92	93.88	92.1	93.98	0.0001
2 - 1	6	6.12	5.8	5.92	*
2 - 2	0	0.00	0.1	0.10	*0.0015
Total	98	100.00	98.0	100.00	0.0016

Saas Fee

FG = 1 p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	10	71.47	10.3	73.57	-
2 - 1	4	28.57	3.4	24.28	-
2 - 2	0	0.00	0.3	2.14	-
Total	14	100.00	14.0	99.99	-

Saas Almagell

FG = -

h.4. A.9. Esterase D (ESD)

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ESD	n	%	n	%	
1 - 1	714	80.86	714.0	80.86	0.0000
2 - 1	160	18.12	160.0	18.12	*
2 - 2	9	1.02	9.0	1.02	*0.0000
Total	883	100.00	883.0	100.00	0.0000

Vispertäler

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ESD	n	%	n	%	
1 - 1	256	83.66	257.1	84.02	0.0051
2 - 1	49	16.01	46.7	15.26	*
2 - 2	1	0.33	2.2	0.72	*0.0268
Total	306	100.00	306.0	100.00	0.0319

Visptal

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ESD	n	%	n	%	
1 - 1	258	80.63	255.7	79.91	0.0218
2 - 1	56	17.50	60.7	18.79	*
2 - 2	6	1.87	3.6	1.12	*0.0865
Total	320	100.00	320.0	100.00	0.1082

Mattertal

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ESD	n	%	n	%	
1 - 1	200	77.82	201.4	78.37	0.0097
2 - 1	55	21.40	52.2	20.31	*
2 - 2	2	0.78	3.4	1.32	*0.0352
Total	257	100.00	257.0	100.00	0.0449

Saastal

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ESD	n	%	n	%	
1 - 1	8	64.67	8.3	69.19	-
2 - 1	4	33.33	3.4	28.33	-
2 - 2	0	0.00	0.3	2.50	-
Total	12	100.00	12.0	100.00	-

Visp

FG= -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ESD	n	%	n	%	
1 - 1	124	88.57	123.5	88.21	0.0020
2 - 1	15	10.72	16.0	11.43	*
2 - 2	1	0.71	0.5	0.36	*0.0152
Total	140	100.00	140.0	100.00	0.0172

Visperterminen

FG = 1 p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ESD	n	%	n	%	
1 - 1	109	82.58	110.0	83.33	0.0092
2 - 1	23	17.42	21.0	15.91	*
2 - 2	0	0.00	1.0	0.76	*0.0461
Total	132	100.00	132.0	100.00	0.0553

Stalden

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ESD	n	%	n	%	
1 - 1	15	68.18	15.6	70.91	0.0199
2 - 1	7	31.82	5.8	26.36	*
2 - 2	0	0.00	0.6	2.73	*0.0481
Total	22	100.00	22.0	100.00	0.0680

Staldenried

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ESD	n	%	n	%	
1 - 1	34	79.07	33.6	78.14	0.0053
2 - 1	8	18.60	8.8	20.47	*
2 - 2	1	2.33	0.6	1.39	*0.0187
Total	43	100.00	43.0	100.00	0.0240

Embd

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ESD	n	%	n	%	
1 - 1	27	93.10	2.0	93.10	-
2 - 1	2	6.90	2.0	6.90	-
2 - 2	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	29	100.00	29.0	100.00	-

Grächen

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ESD	n	%	n	%	
1 - 1	48	82.76	48.4	83.45	0.0038
2 - 1	10	17.24	9.1	15.69	*
2 - 2	0	0.00	0.5	0.86	*0.0195
Total	58	100.00	58.0	100.00	0.0233

Randa

FG = 1 p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ESD	n	%	n	%	
1 - 1	70	80.00	69.1	78.52	0.0106
2 - 1	16	18.00	17.7	20.11	*
2 - 2	2	2.00	1.2	1.36	*0.0390
Total	88	100.00	88.0	99.99	0.0497

St. Niklaus

FG = 1 p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ESD	n	%	n	%	
1 - 1	19	70.37	19.6	72.59	0.0178
2 - 1	8	29.63	6.8	25.18	*
2 - 2	0	0.00	0.6	2.22	*0.0470
Total	27	100.00	27.0	99.99	0.0648

Täsch

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ESD	n	%	n	%	
1 - 1	60	80.0	58.1	77.47	0.0635
2 - 1	12	16.0	15.8	21.07	*
2 - 2	3	4.0	1.1	1.46	*0.2179
Total	75	100.00	75.0	100.00	0.2813

Zermatt

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ESD	n	%	n	%	
1 - 1	13	59.09	13.9	63.18	0.0611
2 - 1	9	40.91	7.2	32.73	*
2 - 2	0	0.00	0.9	4.09	*0.1052
Total	22	100.00	22.00	100.00	0.1663

Eisten

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ESD	n	%	n	%	
1 - 1	29	76.32	29.5	77.63	0.0097
2 - 1	9	23.68	7.9	20.79	*
2 - 2	0	0.00	0.6	1.58	*0.0337
Total	38	100.00	38.0	100.00	0.0434

Saas Balen

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ESD	n	%	n	%	
1 - 1	65	77.38	64.3	76.55	0.0073
2 - 1	17	20.24	18.4	21.90	*
2 - 2	2	2.38	1.3	1.55	*0.0240
Total	84	100.00	84.0	100.00	0.0314

Saas Grund

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
ESD	n	%	n	%	
1 - 1	82	82.83	82.7	83.54	0.0063
2 - 1	17	17.17	15.5	15.66	*
2 - 2	0	0.00	0.8	0.80	*0.0321
Total	99	100.00	99.0	100.00	0.0384

Saas Fee

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
1 - 1	11	78.57	11.2	80.00	-
2 - 1	4	21.43	2.7	19.29	-
2 - 2	0	0.00	0.1	0.71	-
Total	14	100.00	14	100.00	-

Saas Almagell

FG = -

A.10. Galaktose-1-P-Uridyltransferase (GALT)

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GALT	n	%	n	%	
1 - 1	760	86.27	760.5	86.32	0.0003
2 - 1	117	13.28	116.1	13.18	0.0070
2 - 2	4	0.45	4.4	0.50	0.0364
Total	881	100.00	881.0	100.00	0.0437

Vispertäler

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GALT	n	%	n	%	
1 - 1	257	84.26	258.9	84.88	0.0139
2 - 1	48	15.74	44.2	14.50	*
2 - 2	0	0.00	1.9	0.62	*0.0775
Total	305	100.00	305.0	100.00	0.0914

Visptal

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GALT	n	%	n	%	
1 - 1	282	88.40	280.2	87.84	0.0116
2 - 1	34	10.66	37.5	11.76	*
2 - 2	3	0.94	1.3	0.40	*0.0835
Total	319	100.00	319.0	100.00	0.0951

Mattertal

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GALT	n	%	n	%	
1 - 1	221	85.99	221.3	86.11	0.0005
2 - 1	35	13.62	34.3	13.35	*
2 - 2	1	0.39	1.4	0.54	*0.0029
Total	257	100.00	257.0	100.00	0.0034

Saastal

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GALT	n	%	n	%	
1 - 1	12	100.00	12.0	100.00	-
2 - 1	0	0.00	0.0	0.00	-
2 - 2	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	12	100.00	12.0	100.00	-

Visp

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GALT	n	%	n	%	
1 - 1	115	82.14	116.1	82.93	0.0107
2 - 1	25	17.86	22.8	16.29	*
2 - 2	0	0.00	1.1	0.78	*0.0518
Total	140	100.00	140.0	100.00	0.0625

Visperterminen

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GALT	n	%	n	%	
1 - 1	109	83.21	109.9	83.89	0.0074
2 - 1	22	16.79	20.2	15.42	*
2 - 2	0	0.00	0.9	0.69	*0.0384
Total	131	100.00	131.0	100.00	0.0458

Stalden

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GALT	n	%	n	%	
1 - 1	21	95.45	21	95.45	-
2 - 1	1	4.55	1	4.55	-
2 - 2	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	22	100.00	22.0	100.00	-

Staldenried

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GALT	n	%	n	%	
1 - 1	30	71.43	30.0	71.43	0.0000
2 - 1	11	26.19	11.0	26.19	*
2 - 2	1	2.38	1.0	2.38	*0.0000
Total	42	100.00	42.0	100.00	0.0000

Embd

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GALT	n	%	n	%	
1 - 1	28	96.55	28.0	96.55	-
2 - 1	1	3.45	1.0	3.45	-
2 - 2	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	29	100.00	29.0	100.00	-

Grächen

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GALT	n	%	n	%	
1 - 1	53	91.38	53.1	91.57	0.0002
2 - 1	5	8.62	4.8	8.24	*
2 - 2	0	0.00	0.1	0.19	*0.0025
Total	58	100.00	58.0	100.00	0.0027

Randa

FG = 1 p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GALT	n	%	n	%	
1 - 1	78	88.63	76.4	86.82	0.0335
2 - 1	8	9.10	11.2	12.73	*
2 - 2	2	2.27	0.4	0.45	*0.2207
Total	88	100.00	88.0	100.00	0.2542

St. Niklaus

FG = 1 p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GALT	n	%	n	%	
1 - 1	25	92.59	25	92.59	-
2 - 1	2	5.41	2	5.41	-
2 - 2	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	27	100.00	27.0	100.00	-

Täsch

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GALT	n	%	n	%	
1 - 1	68	90.67	68.2	90.93	0.0004
2 - 1	7	9.33	6.7	8.93	*
2 - 2	0	0.00	0.1	0.13	*0.0037
Total	75	100.00	75.0	99.99	0.0041

Zermatt

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GALT	n	%	n	%	
1 - 1	15	68.18	15.6	70.91	0.0231
2 - 1	7	31.82	5.9	26.82	*
2 - 2	0	0.00	0.5	2.27	*0.0562
Total	22	100.00	22.0	100.00	0.0793

Eisten

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GALT	n	%	n	%	
1 - 1	32	84.21	32.2	84.74	0.0018
2 - 1	6	15.79	5.5	14.47	*
2 - 2	0	0.00	0.3	0.79	*0.0100
Total	38	100.00	38.0	100.00	0.0118

Saas Balen

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GALT	n	%	n	%	
1 - 1	73	86.90	72.4	86.19	0.0044
2 - 1	10	11.90	11.1	13.21	*
2 - 2	1	1.19	0.5	0.60	*0.0278
Total	84	99.99	84.0	100.00	0.0322

Saas Grund

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GALT	n	%	n	%	
1 - 1	87	87.88	87.3	88.18	0.0015
2 - 1	12	12.12	11.3	11.42	*
2 - 2	0	0.00	0.4	0.40	*0.0114
Total	99	100.00	99.0	100.00	0.0130

Saas Fee

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2 up. ²
GALT	n	%	n	%	
1 _ 1	14	100.00	14.0	100.00	-
2 - 1	0	0.00	0.0	0.00	-
2 - 2	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	14	100.00	14.0	100.00	-

Saas Almagell

FG = -

A.11. Glyoxalase-1 (GLO-1)

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	289	32.73	274.1	31.04	0.8048
2 - 1	406	45.98	435.7	49.34	2.0274
2 - 2	188	21.29	173.2	19.62	1.2769
Total	883	100.00	883.0	100.00	4.1091

Vispertäler

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	90	29.41	82.6	26.99	0.6601
2 - 1	138	45.10	152.8	49.93	1.4270
2 - 2	78	25.49	70.6	23.07	0.7712
Total	306	100.00	306.0	99.99	2.8584

Visptal

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	114	35.63	109.3	34.16	0.2032
2 - 1	146	45.62	155.4	48.56	0.5734
2 - 2	60	18.75	55.3	17.28	0.4045
Total	320	100.00	320.0	100.00	1.1812

Mattertal

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	85	33.07	82.9	32.26	0.0510
2 - 1	122	47.47	126.2	49.11	0.1343
2 - 2	50	19.46	47.9	18.63	0.0885
Total	257	100.00	257.0	100.00	0.2738

Saastal

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	3	25.00	3.0	25.00	*
2 - 1	6	50.00	6.0	50.00	0.0000
2 - 2	3	25.00	3.0	25.00	*0.0000
Total	12	100.00	12.0	100.00	0.00000

Visp

FG= 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	31	22.14	30.2	21.57	0.0223
2 - 1	68	48.57	69.6	49.71	0.0388
2 - 2	41	29.29	40.2	28.71	0.0169
Total	140	100.00	140.0	99.99	0.0779

Visperterminen

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	44	33.33	39.8	30.15	0.4401
2 - 1	57	43.18	65.4	49.55	1.0695
2 - 2	31	23.49	26.8	20.20	0.6497
Total	132	100.00	132.0	100.00	2.1594

Stalden

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	12	54.54	10.9	49.54	0.1070
2 - 1	7	31.82	9.2	41.82	*
2 - 2	3	13.64	1.9	8.64	*0.1054
Total	22	100.00	22.0	100.00	0.2125

Staldenried

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	28	65.12	29.3	68.14	0.0585
2 - 1	15	34.88	12.4	28.84	*
2 - 2	0	0.00	1.3	3.02	*0.1252
Total	43	100.00	43.0	100.00	0.1837

Embd

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	9	31.03	7.8	26.90	0.1990
2 - 1	12	41.38	14.5	50.00	0.4256
2 - 2	8	27.59	6.7	23.10	0.2275
Total	29	100.00	29.0	100.00	0.8522

Grächen

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	22	37.93	21.7	37.41	0.0033
2 - 1	27	46.55	27.5	47.41	0.0107
2 - 2	9	15.52	8.8	15.17	0.0085
Total	58	100.00	58.00	99.99	0.0226

Randa

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	29	32.95	25.6	29.09	0.4398
2 - 1	37	42.05	43.7	49.66	1.0332
2 - 2	22	25.00	18.7	21.25	0.6068
Total	88	100.00	88.0	100.00	2.0799

St. Niklaus

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	10	37.04	8.9	32.96	0.1362
2 - 1	11	40.74	13.2	48.89	0.3677
2 - 2	6	22.22	4.9	18.15	0.2482
Total	27	100.00	27.0	100.00	0.7521

Täsch

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	16	21.33	19.3	25.73	0.5505
2 - 1	44	58.67	37.5	50.00	1.1292
2 - 2	15	20.00	18.2	24.27	0.5790
Total	75	100.00	75.0	100.00	0.2588

Zermatt

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	5	22.73	5.5	25.00	0.0455
2 - 1	12	54.54	11.0	50.00	0.0909
2 - 2	5	22.73	5.5	25.00	0.0455
Total	22	100.00	22.0	100.00	0.1819

Eisten

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	8	21.05	9.0	23.68	0.1122
2 - 1	21	55.26	19.0	50.00	0.2135
2 - 2	9	23.68	10.0	26.32	0.1016
Total	38	99.99	38.0	100.00	0.4272

Saas Balen

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	38	45.24	36.0	42.86	0.1093
2 - 1	34	40.48	38.0	45.24	0.4159
2 - 2	12	14.28	10.0	11.90	0.3957
Total	84	100.00	84.0	100.00	0.9209

Saas Grund

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	32	32.32	31.1	31.45	0.0260
2 - 1	47	47.47	48.7	49.24	0.0593
2 - 2	20	20.21	19.1	19.31	0.0424
Total	99	100.00	98.9	100.00	0.1277

Saas Fee

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
GLO	n	%	n	%	
1 - 1	2	14.29	3.5	25.00	*
2 - 1	8	57.14	7.0	50.00	0.1429
2 - 2	4	28.57	3.5	25.00	*0.1429
Total	14	100.00	14.0	100.00	0.2858

Saas Almagell

FG = 1 $p > 0.05$

A.12. 6-Phosphogluconat-Dehydrogenase (6-PGD)

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
6-PGD	n	%	n	%	
A	846	95.81	845.4	95.74	0.0004
AB	34	3.85	35.3	3.99	*
B	1	0.11	0.4	0.05	*
A-Richmond	2	0.23	1.9	0.22	*
sonstige	0	0.00	0.04	0.00	*0.0084
Total	883	100.00	883.04	100.00	0.0088

Vispertäler

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
6-PGD	n	%	n	%	
A	300	98.04	300.0	98.06	0.0000
AB	6	1.96	5.9	1.93	*
B	0	0.00	0.0	0.03	*
A-Richmond	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*0.0008
Total	306	100.00	305.93	99.99	0.0008

Visptal

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
6-PGD	n	%	n	%	
A	313	97.81	313.1	97.84	0.0000
AB	5	1.56	4.9	1.53	*
B	0	0.00	0.002	0.00	*
A-Richmond	2	0.63	2.0	0.63	*
sonstige	0	0.00	0.02	0.00	*0.0006
Total	320	100.00	320.022	100.00	0.0006

Mattertal

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
6-PGD	n	%	n	%	
A	233	90.66	232.6	90.51	0.0006
AB	23	8.95	23.8	9.26	*
B	1	0.39	0.6	0.23	*
A-Richmond	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*0.0057
Total	257	100.00	257.000.00	0.0063	

Saastal

FG = 1

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
6-PGD	n	%	n	%	
A	12	100.00	11.3	94.17	-
AB	0	0.00	0.7	5.83	-
B	0	0.00	0.01	0.00	-
A-Richmond	0	0.00	0.0	0.00	-
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	12	100.00	12.0	0.00	-

Visp

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
6-PGD	n	%	n	%	
A	140	100.00	140.0	100.00	-
AB	0	0.00	0.0	0.00	-
B	0	0.00	0.0	0.00	-
A-Richmond	0	0.00	0.0	0.00	-
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	140	100.00	140.0	100.00	-

Visperterminen

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
6-PGD					
A	127	96.21	127.1	96.29	0.0000
AB	5	37.89	4.9	3.71	*
B	0	0.00	0.04	0.00	*
A-Richmond	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*0.0007
Total	132	100.00	132.04	100.00	0.0007

Stalden

FG = 1

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
6-PGD					
A	22	100.00	22.0	100.00	-
AB	0	0.00	0.0	0.00	-
B	0	0.00	0.0	0.00	-
A-Richmond	0	0.00	0.0	0.00	-
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	22	100.00	22.0	100.00	-

Staldenried

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
6-PGD					
A	43	100.00	43.0	100.00	-
AB	0	0.00	0.0	0.00	-
B	0	0.00	0.0	0.00	-
A-Richmond	0	0.00	0.0	0.00	-
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	43	100.00	43.0	100.00	-

Embd

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
6-PGD					
A	28	96.55	28.01	96.52	-
AB	1	3.45	1.0	3.45	-
B	0	0.00	0.01	0.03	-
A-Richmond	0	0.00	0.0	0.00	-
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	29	100.00	29.01	100.00	-

Grächen

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
6-PGD					
A	56	96.55	56.02	96.55	-
AB	2	3.45	2.0	3.45	-
B	0	0.00	0.01	0.00	-
A-Richmond	0	0.00	0.0	0.00	-
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	58	100.00	58.03	100.00	-

Randa

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
6-PGD					
A	85	96.59	85.0	96.59	-
AB	1	1.14	1.0	1.14	-
B	0	0.00	0.003	0.00	-
A-Richmond	2	2.27	2.0	2.27	-
sonstige	0	0.00	0.001	0.00	-
Total	88	100.00	88.004	100.00	-

St. Niklaus

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
6-PGD					
A	27	100.00	27.0	100.00	-
AB	0	0.00	0.0	0.00	-
B	0	0.00	0.0	0.00	-
A-Richmond	0	0.00	0.0	0.00	-
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	27	100.00	27.0	100.00	-

Täsch

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
6-PGD					
A	74	98.66	74.0	98.66	-
AB	1	1.34	1.0	1.33	-
B	0	0.00	0.003	0.00	-
A-Richmond	0	0.00	0.0	0.00	-
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	75	100.00	75.003	99.99	-

Zermatt

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
6-PGD					
A	20	90.91	20.0	91.16	-
AB	2	9.09	1.9	8.66	-
B	0	0.00	0.04	0.18	-
A-Richmond	0	0.00	0.0	0.00	-
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	22	100.00	21.94	100.00	-

Eisten

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
6-PGD	n	%	n	%	
A	30	78.95	30.4	80.00	0.0058
AB	8	21.05	7.2	18.95	*
B	-	-	0.4	1.05	*
A-Richmond	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*0.0231
Total	38	100.00	38.0	100.00	0.0289

Saas Balen

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
6-PGD	n	%	n	%	
A	79	94.05	78.1	92.98	0.0104
AB	4	4.76	5.8	6.91	*
B	1	1.19	0.1	0.11	*
A-Richmond	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*0.1373
Total	84	100.00	84.0	100.00	0.1477

Saas Grund

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
6-PGD	n	%	n	%	
A	95	95.96	95.0	95.96	-
AB	4	4.04	3.9	3.94	-
B	0	0.00	0.04	0.10	-
A-Richmond	0	0.00	0.0	0.00	-
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	-
Total	99	100.00	99.0	100.00	-

Saas Fee

FG = -

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
6-PGD					
A	9	64.29	9.4	67.14	0.0210
AB	5	35.71	4.2	30.00	*
B	0	0.0	0.4	2.86	*
A-Richmond	0	0.00	0.0	0.00	*
sonstige	0	0.00	0.0	0.00	*0.0436
Total	14	100.00	14.0	100.00	0.0646

Saas Almagell

FG = 1 $p > 0.05$

A.13. Phosphglucomutase-1 (PGM-1)

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
PGM-1					
1 - 1	445	50.40	438.9	49.71	0.0855
2 - 1	136	15.40	147.3	16.68	0.8650
2 - 2	16	1.81	12.4	1.40	1.0737
3 - 1	171	19.37	169.2	19.16	0.0192
3 - 2	34	3.85	28.4	3.22	1.1077
3 - 3	11	1.24	16.3	1.85	1.7276
4 - 1	48	5.44	50.8	5.75	0.1540
4 - 2	7	0.79	8.5	0.96	*
4 - 3	13	1.47	9.7	1.09	1.0510
4 - 4	2	0.23	1.5	0.17	*0.0988
Total	883	100.00	883.0	99.99	6.1825

Vispertäler

FG = 8 p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
PGM-1					
1 - 1	137	44.77	141.4	46.21	0.1351
2 - 1	67	21.90	68.6	22.42	0.0390
2 - 2	10	3.27	8.3	2.71	0.3344
3 - 1	60	19.61	51.8	16.92	1.3449
3 - 2	12	3.92	12.5	4.08	0.0234
3 - 3	1	0.33	4.7	1.54	2.9321
4 - 1	15	4.90	12.9	4.21	0.3290
4 - 2	2	0.65	3.2	1.04	*
4 - 3	2	0.65	2.4	0.78	*
4 - 4	0	0.00	0.3	0.10	*0.5588
Total	883	100.00	883.0	100.01	5.6967

Visptal

FG = 7 p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
PGM-1	n	%	n	%	
1 - 1	178	55.62	172.59	53.93	0.1696
2 - 1	35	10.94	42.6	13.31	1.3505
2 - 2	3	0.94	2.6	0.81	*
3 - 1	62	19.38	64.6	20.19	0.1068
3 - 2	15	4.68	8.0	2.50	*7.6372
3 - 3	4	1.25	6.1	1.90	0.6946
4 - 1	17	5.31	17.6	5.50	0.0222
4 - 2	2	0.63	2.2	0.69	**
4 - 3	3	0.94	3.3	1.03	**
4 - 4	1	0.31	0.4	0.13	**0.0010
Total	320	100.00	320.0	99.99	9.9819

Mattertal

FG = 6 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
PGM-1	n	%	n	%	
1 - 1	130	50.58	125.4	48.81	0.1721
2 - 1	34	13.23	34.9	13.59	0.0247
2 - 2	3	1.17	2.4	0.93	*
3 - 1	49	19.07	53.1	20.67	0.3155
3 - 2	7	2.72	7.4	2.88	0.0213
3 - 3	6	2.33	5.6	2.18	0.0255
4 - 1	16	6.22	20.2	7.86	0.8906
4 - 2	3	1.17	2.8	1.09	*
4 - 3	8	3.11	4.3	1.67	*
4 - 4	1	0.39	0.8	0.31	*2.1447
Total	257	99.99	256.9	100.00	3.5944

Saastal

FG = 6 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
PGM-1	n	%	n	%	
1 - 1	8	66.67	7.5	62.39	0.0333
2 - 1	3	25.00	3.2	26.62	*
2 - 2	0	0.00	0.3	2.49	*
3 - 1	0	0.00	0.0	0.00	*
3 - 2	0	0.00	0.0	0.00	*
3 - 3	0	0.00	0.0	0.00	*
4 - 1	0	0.00	0.8	6.66	*
4 - 2	1	8.33	0.2	1.66	*
4 - 3	0	0.00	0.0	0.00	*
4 - 4	0	0.00	0.02	0.17	*0.0600
Total	12	100.00	12.02	99.99	0.0933

Visp

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
PGM-1	n	%	n	%	
1 - 1	56	40.00	59.8	42.74	0.2423
2 - 1	39	27.86	37.3	26.66	0.0812
2 - 2	6	4.29	5.8	4.14	0.0067
3 - 1	26	18.57	20.9	14.94	1.2448
3 - 2	5	3.57	6.5	4.65	0.3504
3 - 3	0	0.00	1.8	1.29	*
4 - 1	6	4.28	5.2	3.72	*
4 - 2	1	0.71	1.6	1.14	*
4 - 3	1	0.71	0.9	0.64	*
4 - 4	0	0.00	0.1	0.07	*0.3041
Total	140	99.99	139.9	99.99	2.2295

Visperterminen

FG = 5 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
PGM-1					
1 - 1	59	44.70	61.04	46.48	0.0908
2 - 1	24	18.18	24.6	18.62	0.0124
2 - 2	3	2.27	2.5	1.89	*
3 - 1	30	22.73	26.6	20.14	0.4386
3 - 2	6	4.55	5.3	4.01	0.0873
3 - 3	1	0.75	2.9	2.20	*
4 - 1	8	6.06	6.1	4.62	0.5650
4 - 2	0	0.00	1.2	0.91	*
4 - 3	1	0.76	1.3	0.98	*
4 - 4	0	0.00	0.2	0.15	*1.1864
Total	132	100.00	132.1	100.00	2.3805

Stalden

FG = 5 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
	n	%	n	%	
PGM-1					
1 - 1	14	63.65	13.1	99.52	0.0618
2 - 1	1	4.54	3.1	14.09	*
2 - 2	1	4.54	0.2	0.91	*
3 - 1	4	18.18	3.8	17.26	*
3 - 2	1	4.54	0.5	2.27	*
3 - 3	0	0.00	0.3	1.36	*
4 - 1	1	4.54	0.8	3.64	*
4 - 2	0	0.00	0.1	0.45	*
4 - 3	0	0.00	0.1	0.45	*
4 - 4	0	0.00	0.01	0.04	*0.0929
Total	22	100.00	22.01	99.99	0.1547

Staldenried

FG = 1 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
PGM-1	n	%	n	%	
1 - 1	21	48.83	19.6	45.58	0.1065
2 - 1	4	9.30	6.7	15.58	1.1173
2 - 2	1	2.32	0.6	1.40	*
3 - 1	11	25.58	10.1	23.49	0.0774
3 - 2	3	6.98	1.7	3.95	*
3 - 3	0	0.00	1.3	3.02	*
4 - 1	1	2.32	2.0	4.65	*
4 - 2	1	2.33	0.3	0.70	*
4 - 3	1	2.33	0.6	1.40	*
4 - 4	0	0.00	0.1	0.23	*0.0385
Total	43	99.99	43.0	100.00	1.3397

Embd

FG = 3 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
PGM-1	n	%	n	%	
1 - 1	14	48.28	13.8	47.75	0.0030
2 - 1	3	10.34	4.8	16.61	0.6923
2 - 2	1	3.45	0.4	1.38	*
3 - 1	3	10.34	3.4	11.76	*
3 - 2	2	6.89	0.6	2.08	*
3 - 3	0	0.00	0.2	0.69	*
4 - 1	6	20.69	4.1	14.19	0.8398
4 - 2	0	0.00	0.8	2.77	*
4 - 3	0	0.00	0.5	1.73	*
4 - 4	0	0.00	0.3	1.04	*0.0016
Total	29	99.99	28.9	100.00	1.5367

Grächen

FG = 3 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
PGM-1	n	%	n	%	
1 - 1	37	63.79	34.9	60.15	0.1242
2 - 1	2	3.45	1.5	2.59	*
2 - 2	0	0.00	0.02	0.03	*
3 - 1	11	18.97	14.0	24.13	**
3 - 2	0	0.00	0.3	0.52	*
3 - 3	3	5.17	1.4	2.41	**3.5740
4 - 1	3	5.17	4.7	8.10*	
4 - 2	1	1.72	0.1	0.17	*
4 - 3	1	1.72	0.9	1.55	*
4 - 4	0	0.00	0.2	0.34	*0.0666
Total	58	99.99	58.02	99.99	3.7648

Randa

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
PGM-1	n	%	n	%	
1 - 1	45	51.14	46.5	52.82	0.0515
2 - 1	15	17.04	15.3	17.38	0.0048
2 - 2	1	1.14	1.3	1.48	*
3 - 1	20	22.73	17.5	19.88	0.3696
3 - 2	4	4.54	2.9	3.29	*
3 - 3	0	0.00	1.6	1.82	*
4 - 1	3	3.41	2.2	2.50	*
4 - 2	0	0.00	0.3	0.34	*
4 - 3	0	0.00	0.4	0.46	*
4 - 4	0	0.00	0.02	0.02	*0.0771
Total	88	100.00	88.02	99.99	0.5030

St. Niklaus

FG = 3 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
PGM-1	n	%	n	%	
1 - 1	16	59.26	14.1	52.20	0.2611
2 - 1	3	11.11	5.1	18.88	0.8349
2 - 2	0	0.00	0.5	1.85	*
3 - 1	3	11.11	5.1	18.88	0.8349
3 - 2	4	14.82	0.8	2.96	*
3 - 3	0	0.00	0.5	1.85	*
4 - 1	1	3.70	0.7	2.59	*
4 - 2	0	0.00	0.1	0.37	*
4 - 3	0	0.00	0.1	0.37	*
4 - 4	0	0.00	0.01	0.04	*1.7083
Total	27	100.00	27.01	99.99	3.6392

Täsch

FG = 3 p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
PGM-1	n	%	n	%	
1 - 1	45	60.00	44.1	58.80	0.0194
2 - 1	8	10.67	7.6	10.13	*
2 - 2	0	0.00	0.3	0.40	**
3 - 1	14	18.67	14.6	19.40	0.0222
3 - 2	2	2.67	1.3	1.73	*
3 - 3	1	1.33	1.2	1.60	*1.7534
4 - 1	3	4.0	4.6	6.13	**
4 - 2	0	0.00	0.4	0.53	**
4 - 3	1	1.33	0.8	1.07	**
4 - 4	1	1.33	0.1	0.13	**0.3873
Total	75	100.00	75.0	99.99	2.1823

Zermatt

FG = 3 p>0.05

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
PGM-1	n	%	n	%	
1 - 1	13	59.09	13.1	59.52	0.0076
2 - 1	1	4.54	0.8	3.63	*
2 - 2	0	0.00	0.01	0.04	*
3 - 1	7	31.82	7.0	31.80	0.0000
3 - 2	0	0.00	0.2	0.91	*
3 - 3	1	4.54	0.9	4.09	*
4 - 1	0	0.00	0.0	0.00	*
4 - 2	0	0.00	0.0	0.00	*
4 - 3	0	0.00	0.0	0.00	*
4 - 4	0	0.00	0.0	0.00	*0.0053
Total	22	99.99	22.01	99.99	0.0129

Eisten

FG = 2 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
PGM-1	n	%	n	%	
1 - 1	20	52.63	17.9	47.22	0.2748
2 - 1	3	7.89	4.1	10.82	0.2988
2 - 2	0	0.00	0.2	0.53	*
3 - 1	8	21.05	8.2	21.63	0.0051
3 - 2	1	2.63	0.9	2.38	*
3 - 3	1	2.63	0.9	2.38	*
4 - 1	1	2.63	4.1	10.82	2.3514
4 - 2	2	5.27	0.5	1.32	*
4 - 3	1	2.63	0.9	2.38	*
4 - 4	1	2.63	0.2	0.53	*1.6000
Total	38	99.99	37.9	100.01	4.5301

Saas Balen

FG = 4 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
PGM-1	n	%	n	%	
1 - 1	35	41.67	33.4	39.81	0.0722
2 - 1	7	8.33	10.1	12.04	0.9473
2 - 2	2	2.38	0.8	0.95	*
3 - 1	24	28.57	22.1	26.34	0.1667
3 - 2	4	4.76	3.3	3.93	*
3 - 3	1	1.19	3.6	4.29	*
4 - 1	5	5.95	6.9	8.22	0.5440
4 - 2	1	1.19	1.0	1.19	*
4 - 3	5	5.95	2.3	2.74	*
4 - 4	0	0.00	0.4	0.50	*0.2246
Total	84	99.99	83.9	100.01	1.9549

Saas Grund

FG = 4 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
PGM-1	n	%	n	%	
1 - 1	53	53.54	52.4	52.88	0.0076
2 - 1	22	22.22	18.9	19.07	0.5057
2 - 2	1	1.01	1.7	1.72	*
3 - 1	8	8.08	13.1	13.22	1.9793
3 - 2	2	2.02	2.4	2.42	*
3 - 3	3	3.03	0.8	0.81	*
4 - 1	8	8.08	7.3	7.37	0.0728
4 - 2	0	0.00	1.3	1.31	*
4 - 3	2	2.02	0.9	0.91	*
4 - 4	0	0.00	0.3	0.30	*0.0486
Total	99	99.99	99.1	100.01	2.6140

Saas Fee

FG = 4 $p > 0.05$

Phänotyp	Beobachtet		Erwartet		χ^2
PGM-1	n	%	n	%	
1 - 1	9	64.28	9.5	67.76	0.0210
2 - 1	1	7.14	0.8	5.71	*
2 - 2	0	0.00	0.02	0.14	*
3 - 1	2	14.29	1.6	11.42	*
3 - 2	0	0.00	0.1	0.71	*
3 - 3	0	0.00	0.1	0.71	*
4 - 1	2	14.29	1.6	11.42	*
4 - 2	0	0.00	0.1	0.71	*
4 - 3	0	0.00	0.1	0.71	*
4 - 4	0	0.00	0.1	0.71	*0.0442
Total	14	100.00	14.02	100.00	0.0652

Saas Almagell

FG = 1 $p > 0.05$

B. ZUSAMMENFASSUNG DER χ^2 -TEST (HWG)

System	F	Alle	S	F	Vispt.	S	F	Mattert.	S
6-PGD	1	0.0088	-	1	0.0008	-	1	0.0006	-
AK	2	0.0290	-	1	0.0490	-	1	0.0162	-
ADA	1	0.0619	-	1	0.0180	-	1	0.1294	-
ESD	1	0.000	-	1	0.0319	-	1	0.1082	-
ACP	4	1.6023	-	4	0.3335	-	4	2.6632	-
GT	2	0.0437	-	1	0.0914	-	1	0.0951	-
GLO	2	4.1091	-	2	2.8584	-	2	1.1812	-
PGM1	8	6.1825	-	7	5.6967	-	6	9.9819	-
GC	8	3.2634	-	5	6.5189	-	6	2.0990	-
HP	2	0.7173	-	2	0.0002	-	2	0.0019	-
C3	4	1.1840	-	3	0.0598	-	2	0.0560	-
BF	4	85.2642	+	3	24.4558	+	4	39.7938	+
AMY-2	1	0.0047	-	1	0.0210	-	1	0.0045	-

System	F	Saast.	S	F	Visp	S	F	Vispert.	S
6-PGD	1	0.0063	-	-	-	-	-	-	-
AK	1	0.0084	-	-	-	-	1	0.0037	-
ADA	1	0.0063	-	1	0.0063	-	1	0.0186	-
ESD	1	0.0449	-	-	-	-	1	0.0172	-
ACP	3	0.0125	-	2	0.0271	-	3	0.0315	-
GT	1	0.0034	-	-	-	-	1	0.0625	-
GLO	2	0.2738	-	1	0.0000	-	2	0.0779	-
PGM1	6	3.5944	-	1	0.0933	-	5	2.2295	-
GC	8	6.3667	-	-	-	-	5	3.0116	-
HP	2	0.1109	-	1	0.5769	-	2	0.0770	-
C3	3	0.3596	-	1	0.3878	-	1	0.0625	-
BF	4	6.4539	-	1	0.2416	-	1	0.7354	+
AMY-2	1	0.0097	-	-	-	-	1	0.0072	-

System	F	Stalden	S	F	St.ried	S	F	Embd	S
6-PGD	1	0.0007	-	-	-	-	-	-	-
AK	1	0.0193	-	-	-	-	1	0.0183	-
ADA	1	-	-	-	-	-	1	0.0223	-
ESD	1	0.0553	-	1	0.0680	-	1	0.0240	-
ACP	4	1.7231	-	2	0.0175	-	1	0.3522	-
GT	1	0.0458	-	-	-	-	1	0.0000	-
GLO	2	2.1594	-	1	0.2125	-	2	0.1837	-
PGM1	5	2.3805	-	1	0.1547	-	3	1.3397	-
GC	5	6.2186	-	2	3.5026	-	4	3.5175	-
HP	2	2.1521	-	1	1.1041	-	2	0.4605	-
C3	2	1.3680	-	1	0.3492	-	1	0.0903	-
BF	2	7.9382	+	1	0.1412	-	1	2.3577	-
AMY-2	2	0.0183	-	-	-	-	1	0.0903	-

System	F	Grächen	S	F	Randa	S	F	St.Nikl.	S
6-PGD	-	-	-	-	-	-	-	-	-
AK	1	0.0155	-	1	0.0320	-	1	0.0071	-
ADA	-	-	-	1	0.1342	-	1	0.0280	-
ESD	-	-	-	1	0.0233	-	1	0.0497	-
ACP	2	2.0218	-	2	0.0941	-	2	2.2381	-
GT	-	-	-	1	0.0027	-	1	0.2542	-
GLO	2	0.8522	-	2	0.0226	-	1	2.0799	-
PGM1	3	1.5367	-	2	3.7648	-	3	0.5030	-
GC	4	3.0831	-	4	0.7746	-	4	5.0829	-
HP	2	0.0122	-	2	2.5178	-	2	1.1857	-
C3	1	0.0030	-	1	0.0996	-	1	0.1570	-
BF	1	0.8652	-	1	0.1298	-	1	0.2080	-
AMY-2	-	-	-	1	0.0544	-	1	0.0739	-

System	F	Täsch	S	F	Zerm.	S	F	Eisten	S
6-PGD	-	-	-	-	-	-	1	0.0000	-
AK	1	0.0417	-	1	0.0006	-	1	0.0680	-
ADA	1	0.0249	-	1	0.0068	-	-	-	-
ESD	1	0.0648	-	1	0.2813	-	1	0.1663	-
ACP	2	0.6322	-	2	2.6892	-	1	0.1546	-
GT	-	-	-	1	0.0049	-	1	0.0793	-
GLO	2	0.7521	-	2	2.2588	-	2	0.1819	-
PGM1	3	3.6392	-	3	2.1823	-	2	0.0129	-
GC	3	0.4352	-	5	2.3954	-	2	2.5135	-
HP	2	0.3333	-	2	0.1231	-	1	0.0015	-
C3	-	-	-	1	0.0834	-	1	0.0680	-
BF	1	1.5692	-	1	0.0646	-	1	0.0841	-
AMY-2	1	0.0249	-	-	-	-	-	-	-

System	F	S. Ba.	S	F	S. Gr.	S	F	S. Fee	S
6-PGD	1	0.0289	-	1	0.1477	-	-	-	-
AK	1	0.0612	-	1	0.0121	-	1	0.0812	-
ADA	1	0.0434	-	1	0.0032	-	1	0.0000	-
ESD	1	0.0434	-	1	0.0314	-	1	0.0384	-
ACP	1	0.4845	-	2	0.3408	-	2	0.0538	-
GT	1	0.0118	-	1	0.0322	-	1	0.0130	-
GLO	2	0.4272	-	2	0.9209	-	2	0.1277	-
PGM1	4	4.5301	-	4	1.9549	-	4	2.6140	-
GC	3	0.5956	-	6	9.0233	-	5	0.8556	-
HP	2	0.1588	-	2	1.5955	-	2	0.8115	-
C3	1	0.2509	-	1	0.0098	-	2	2.2306	-
BF	1	0.0557	-	1	0.0043	-	3	3.5055	-
AMY-2	-	-	-	-	-	-	1	0.0016	-

System	F	S. Alm.	S
6-PGD	1	0.0646	-
AK	-	-	-
ADA	-	-	-
ESD	-	-	-
ACP	1	0.0059	-
GT	-	-	-
GLO	1	0.2858	-
PGM1	1	0.0652	-
GC	-	-	-
HP	1	0.2858	-
C3	1	0.0647	-
BF	1	0.0387	-
AMY-2	-	-	-

C. VERTEILUNG DER ALLELFREQUENZEN IM UNTERSUCHUNGSGBIET.

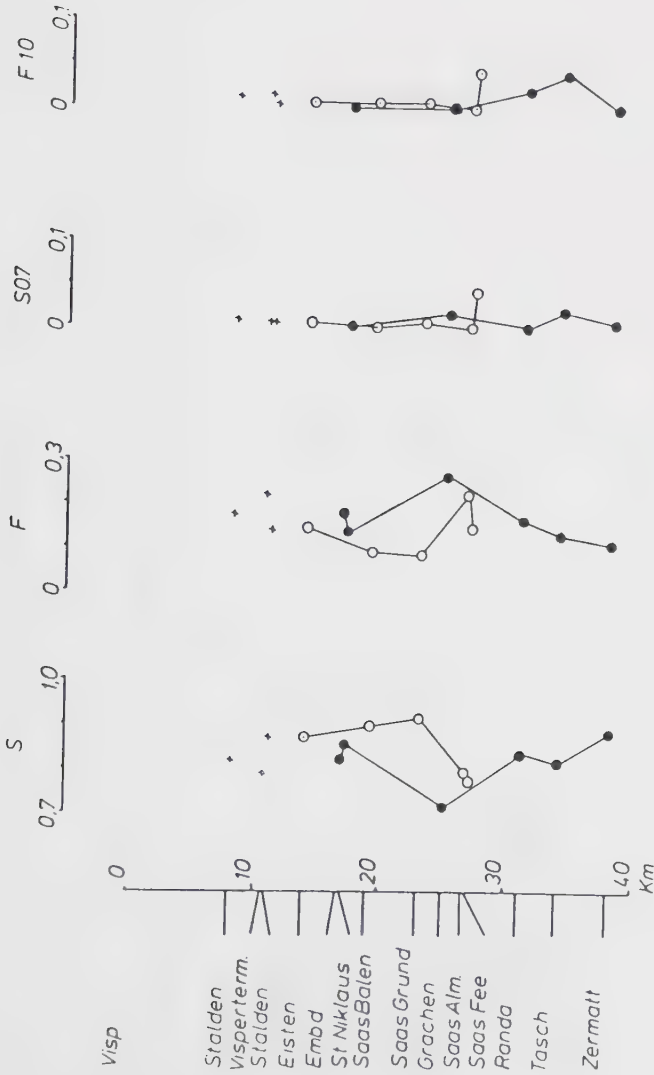


Abb.C-1: BF: Allelverteilung im Untersuchungsgebiet.

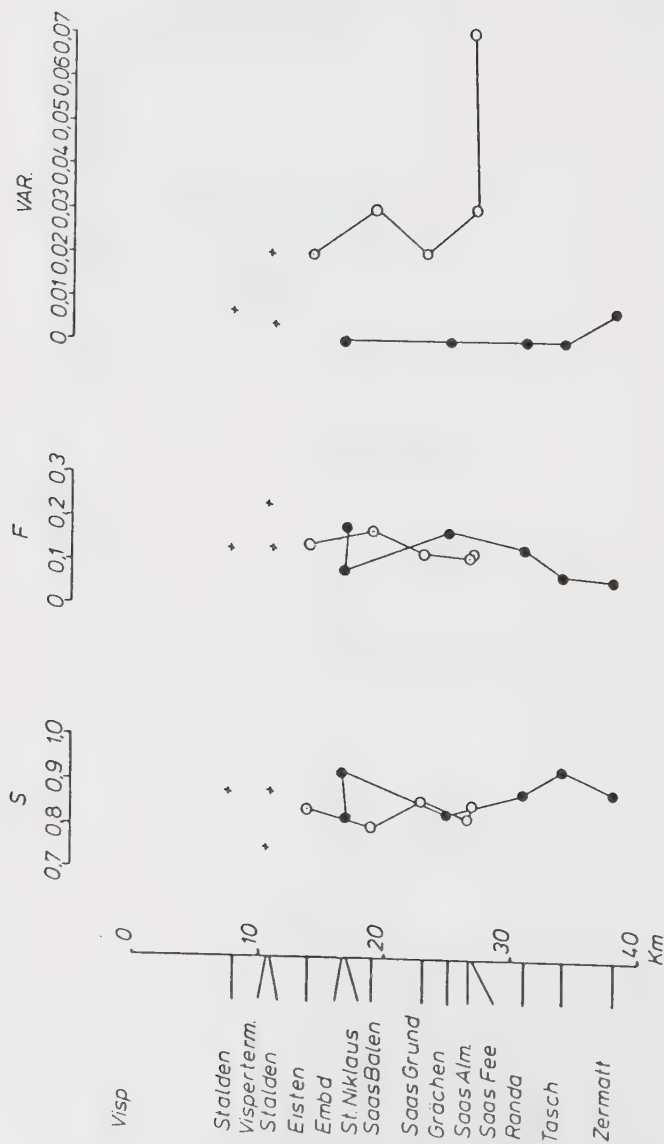


Abb. C-2: C3: Allelenverteilung im Untersuchungsgebiet.

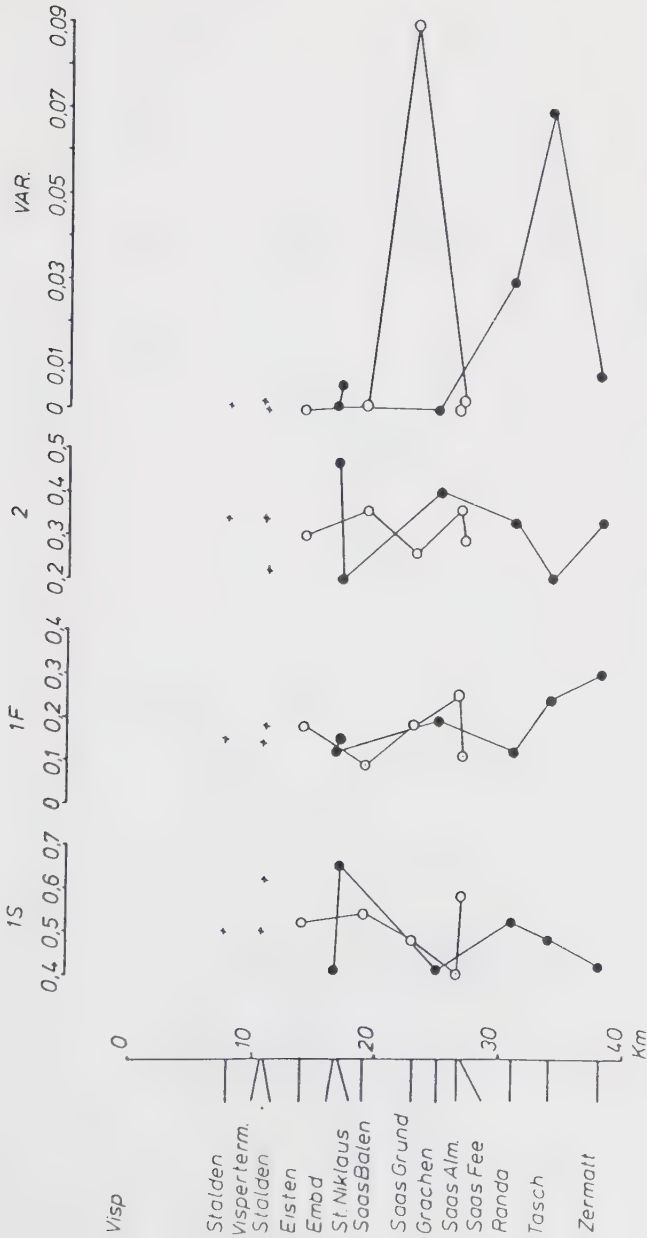


Abb.C-3: GC: Allelenverteilung im Untersuchungsgebiet.

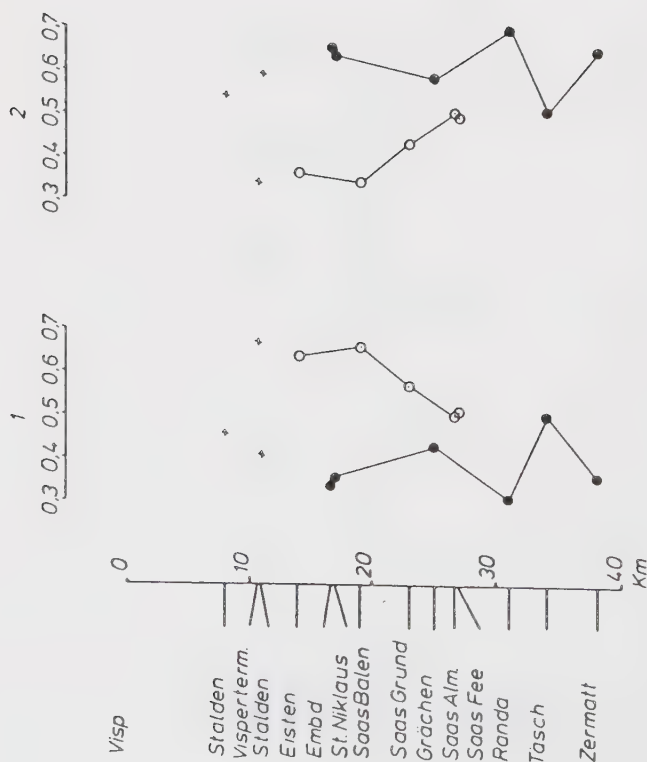


Abb. C-4: HP: Allenenverteilung im Untersuchungsgebiet.

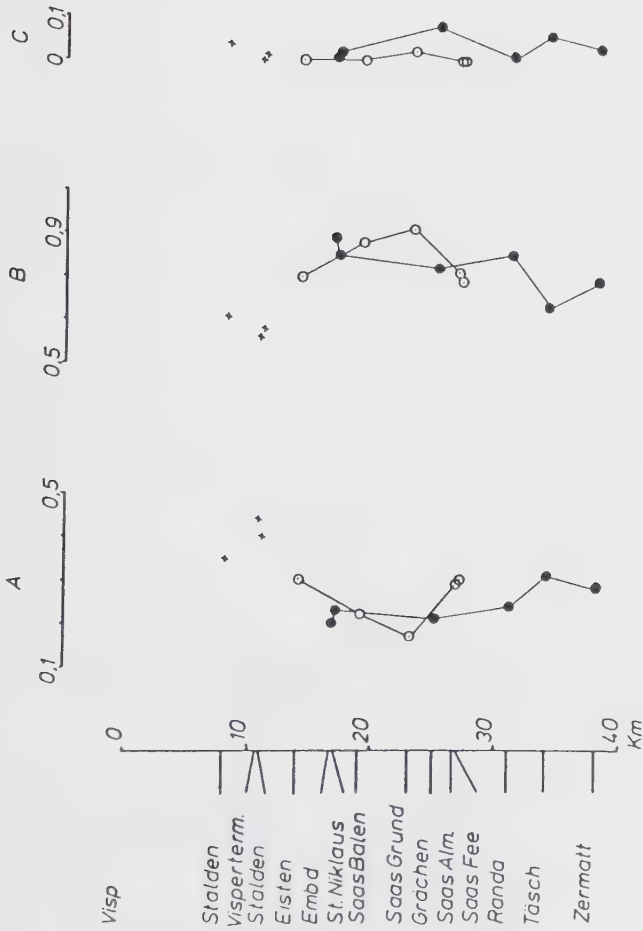


Abb. C-5: ACP: Allelenverteilung im Untersuchungsgebiet.

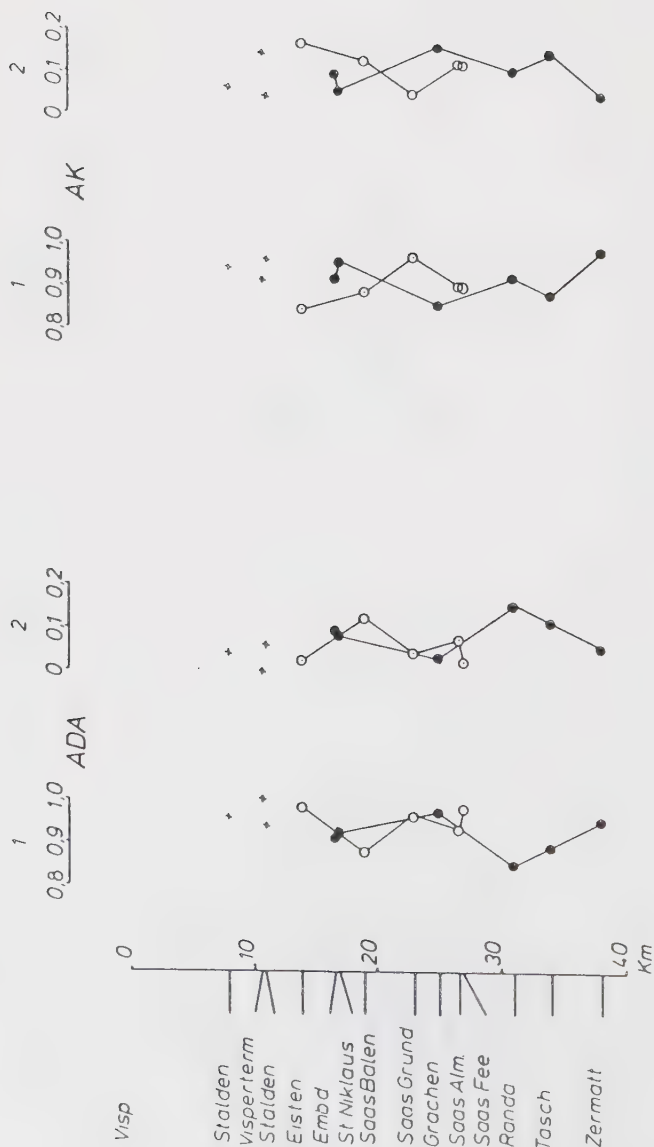


Abb. C-6: ADA bzw. AK: Allelenverteilung im Untersuchungsgebiet.

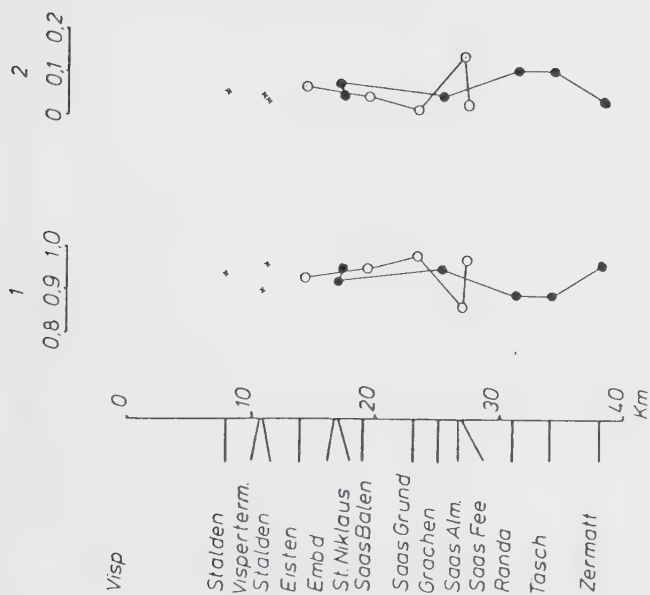


Abb. C-7: AMY-2: Allelenverteilung im Untersuchungsgebiet.

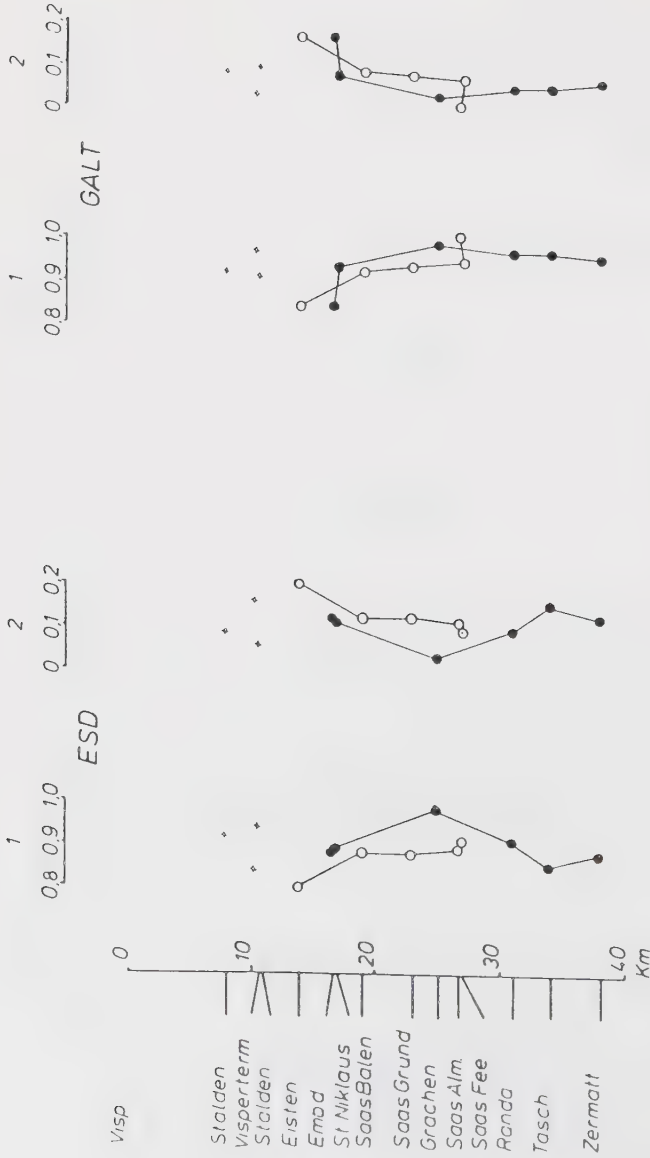


Abb. C-8: ESD bzw. GALT: Allelenverteilung im Untersuchungsgebiet.



Abb. C-9: GLO: Allelenverteilung im Untersuchungsgebiet.

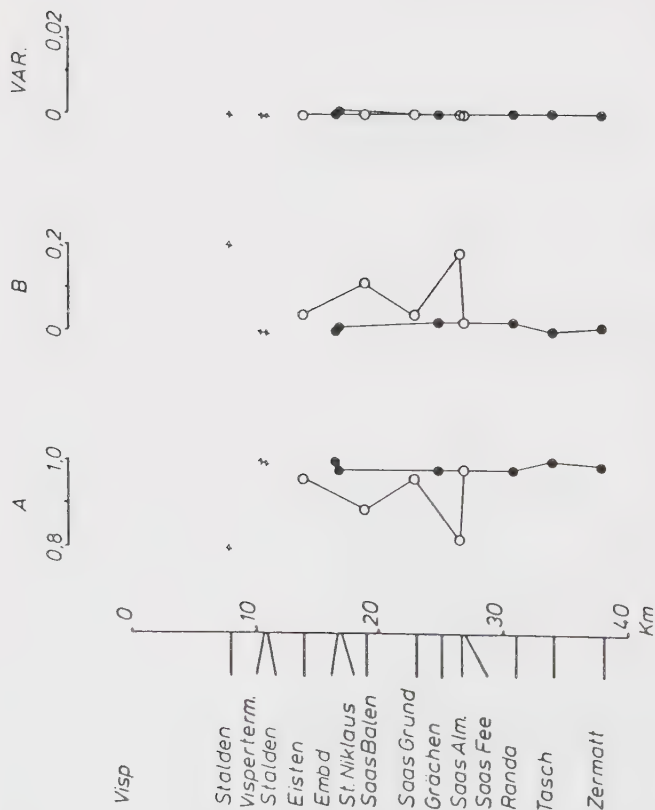


Abb. C-10: 6-PGD: Allelenverteilung im Untersuchungsgebiet.



Abb.C-11: PGM-1: Allelenverteilung im Untersuchungsgebiet.

D. STATISTISCHE DATEN ZUR BEVOELKERUNG UND ERWERBSTAETIGKEIT

1. Bevölkerungsentwicklung

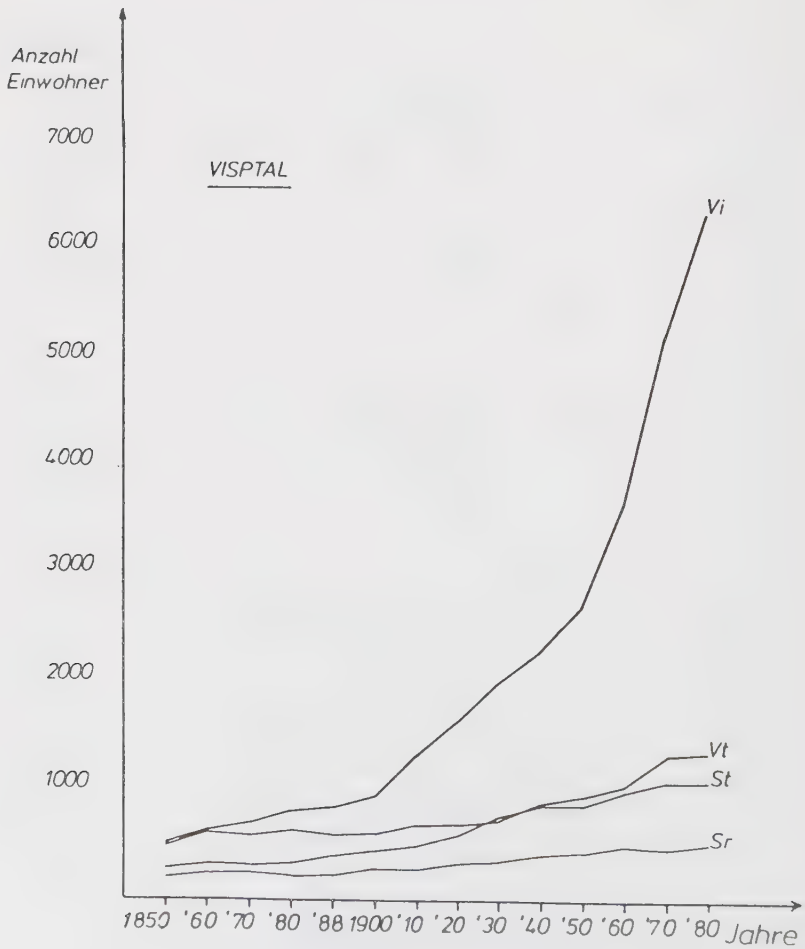


Abb.D-1: Bevölkerungsentwicklung im Visptal seit 1850.

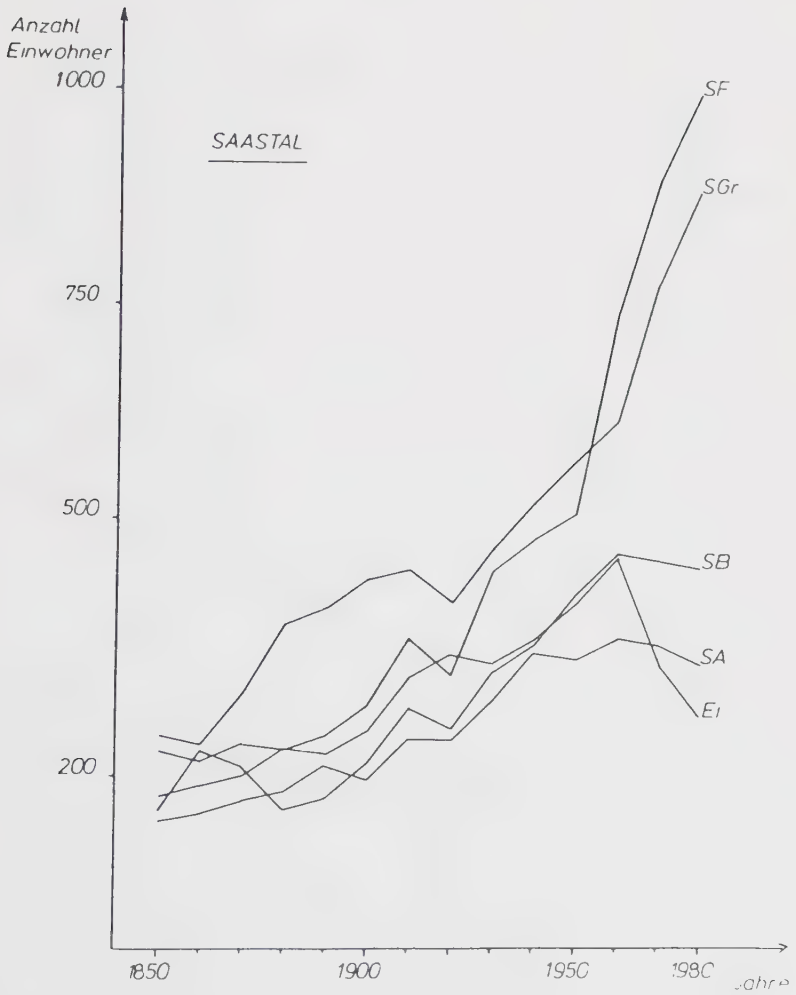


Abb.D-2: Bevölkerungsentwicklung im Saastal seit 1850.

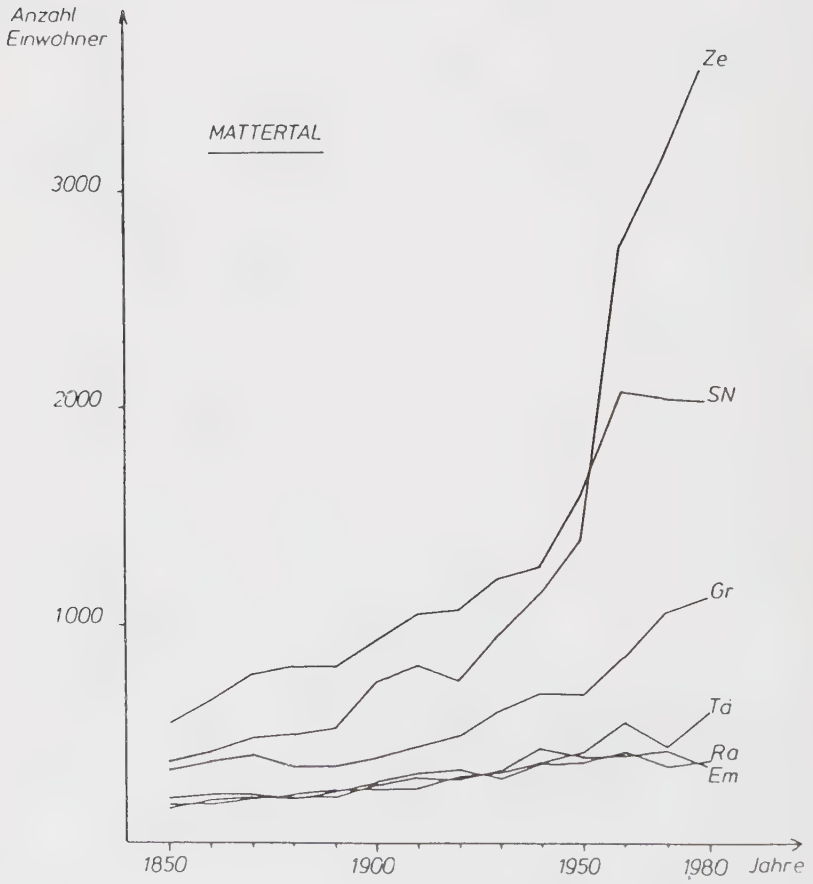


Abb.D-3: Bevölkerungsentwicklung im Mattertal seit 1850.

2. Bevölkerung nach Jahresklassen.

Legende zu den Abbildungen D-4 bis D-6:

1: 0 - 14 Jahre

2: 15 - 19 Jahre

3: 20 - 39 Jahre

4: 40 - 59 Jahre

5: 60 - 64 Jahre

6: 65 +

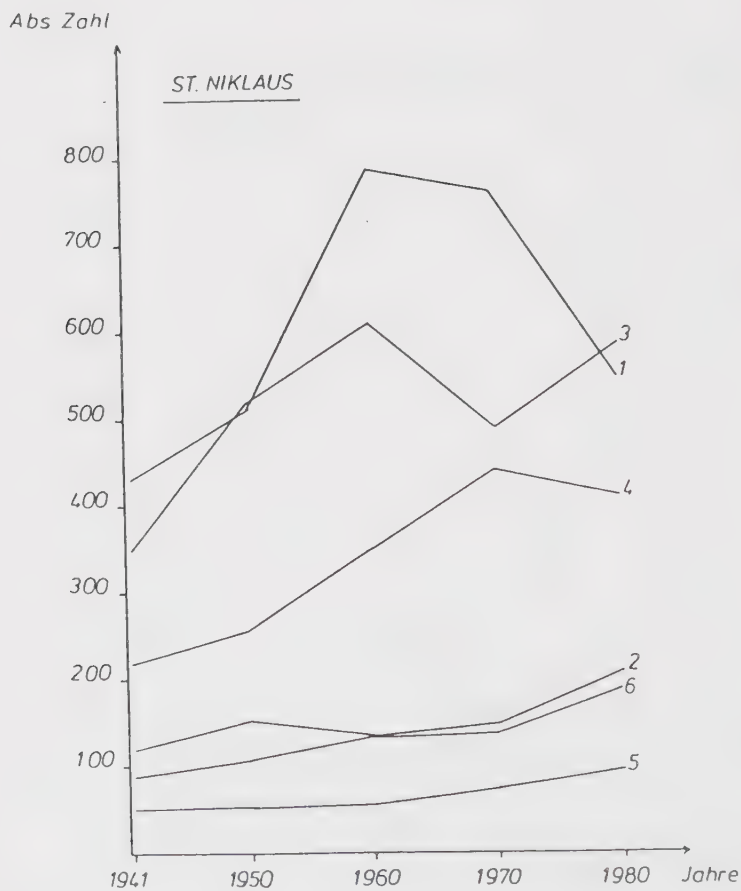


Abb.D-4: Bevölkerung nach Jahresklassen in St. Niklaus.

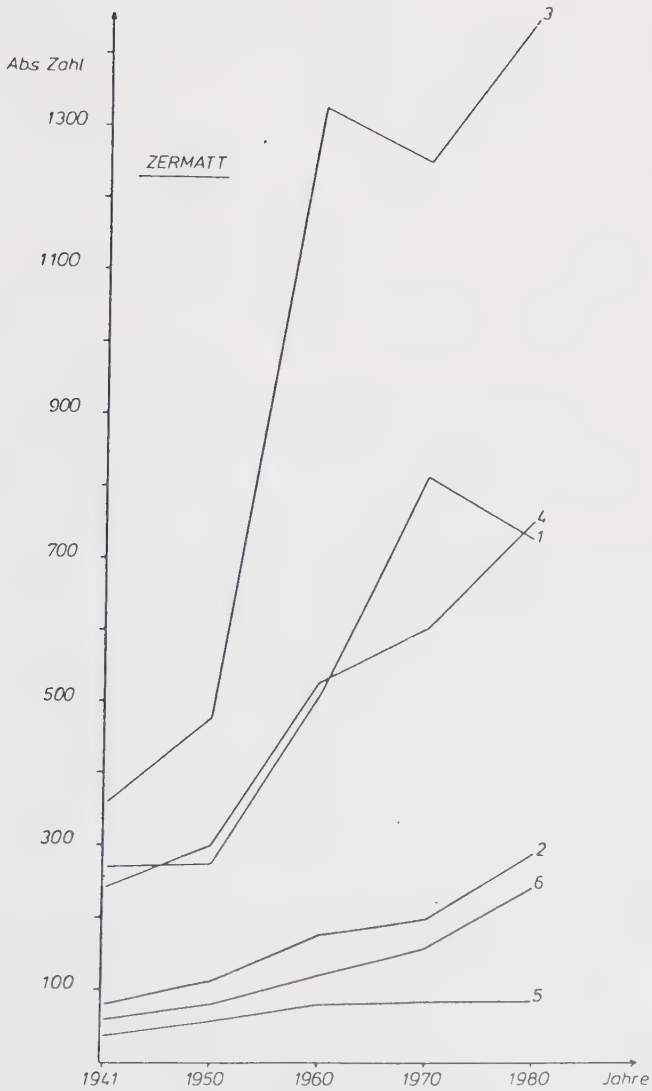


Abb.D-5: Bevölkerung nach Jahresklassen in Zermatt.

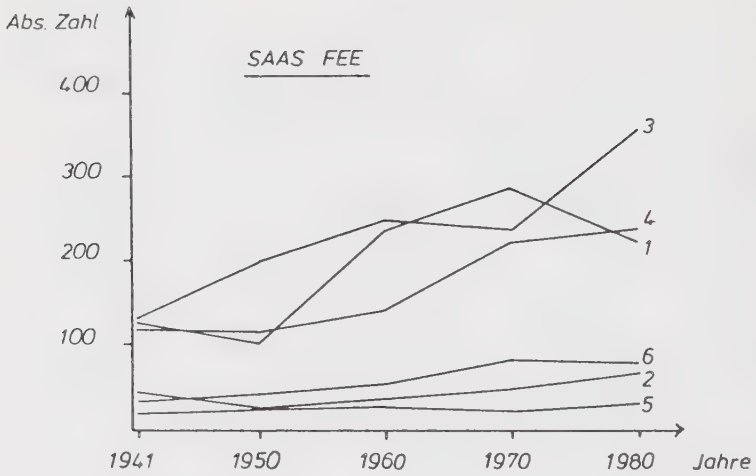


Abb.D-6: Bevölkerung nach Jahresklassen in Saas Fee.

3. Berufstätige nach Wirtschaftssektoren.

Wirtschaftssektor II: Industrie, Handwerk, Baugewerbe.

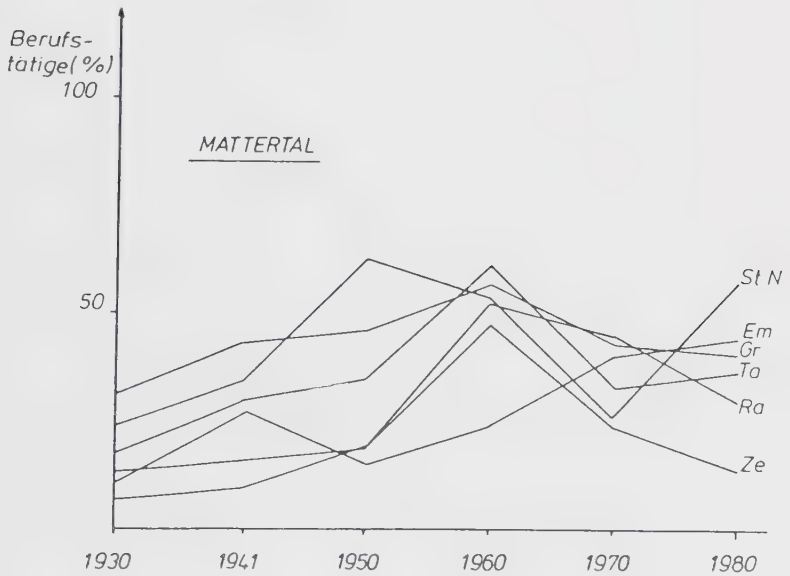


Abb.D-7: Berufstätige im Wirtschaftssektor II seit 1930 im Mattertal.

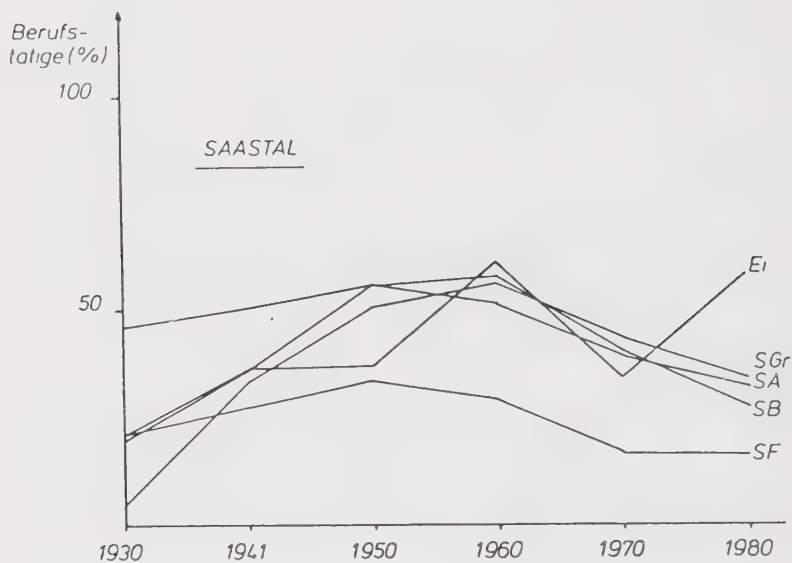


Abb.D-8: Berufstätige im Wirtschaftssektor II seit 1930 im Saastal.

Wirtschaftssektor III: Handel, Verkehr, Gastgewerbe.

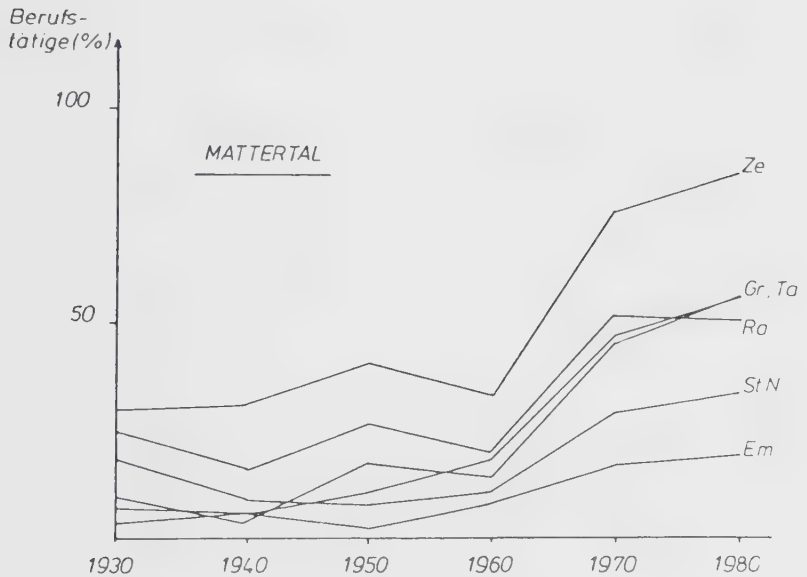


Abb.D-9: Berufstätige im Wirtschaftssektor III seit 1930 im Mattertal.

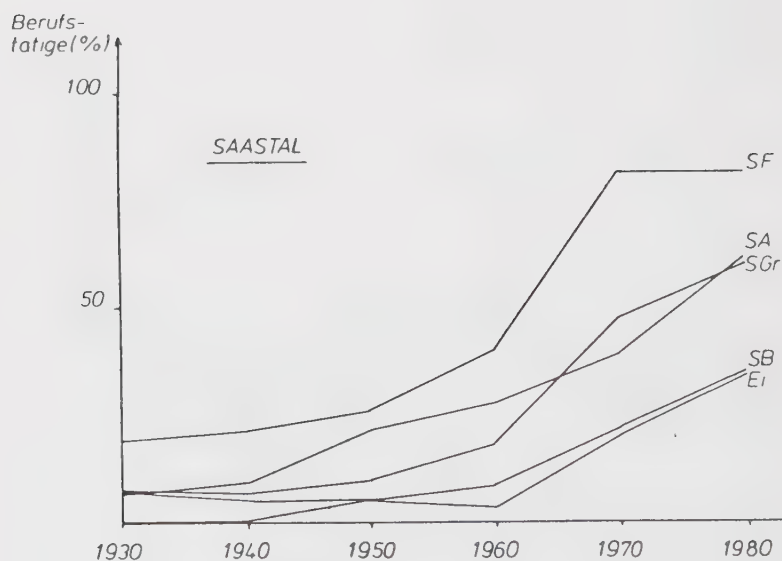


Abb.D-10: Berufstätige im Wirtschaftssektor III seit 1930 im Saastal.

CURRICULUM VITAE

Ich, Elisabetta Esther Ziggiotti, Bürgerin von Vezia (Kt. Tessin), wurde am 13.2.1955 als Tochter von Antonio und Lily Ziggiotti-Cesari in Bosisio Parini (Italien) geboren.

Ich besuchte alle Schulen in Lugano (Kt. Tessin) und schloss 1974 an dem Liceo Cantonale mit der Matura B ab.

Im Herbst 1974 immatrikulierte ich mich an der Philosophischen Fakultät II der Universität Zürich. Ich absolvierte unter anderem Vorlesungen und Kurse bei den Professoren und Doktoren Batschelet, Biegert, Birnstiel, Brun, Burla, Dübendorfer, Chen, Cook, Glaser, Kägi, Kuhn-Schnyder, Oswald, Rast, Rieber, Scheffrahn, Töndury, Wanner, Wehner, Zenker und Ziswiler.

Im Dezember 1980 erlangte ich das Diplom der Philosophischen Fakultät II der Universität Zürich (Hauptfach Anthropologie) mit der Arbeit "Untersuchungen über das Serumprotein alpha-1 Antitrypsin (Pi-System) in der schweizerischen Bevölkerung".

Vom Juni 1982 bis Mai 1985 war ich als Assistentin am Anthropologischen Institut und Museum der Universität Zürich-Irchel tätig. In der Zwischenzeit arbeitete ich an meiner Dissertation "Haemogenetische und Populationsgenetische Untersuchungen in den Vispertälern (Kt. Wallis, Schweiz)" unter der Leitung von Herrn Prof.Dr.med. J.Biegert und Herrn Dr. phil. W.Scheffrahn.

